



1254-0F12P

日本国特許庁  
JAPAN PATENT OFFICE

Matsuda et al.  
101042, 211  
filed 01-11-02  
BSK (S) 10  
(703) 205 2000  
AUG 27 2002  
RECEIVED  
TECH CENTER 800/2900

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office

出願年月日

Date of Application:

2001年 3月26日

出願番号

Application Number:

特願2001-088912

[ST.10/C]:

[JP2001-088912]

出願人

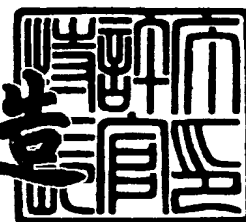
Applicant(s):

旭化成株式会社

2002年 5月 7日

特許庁長官  
Commissioner,  
Japan Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2002-3032934

【書類名】 特許願

【整理番号】 X13-213

【提出日】 平成13年 3月26日

【あて先】 特許庁長官 殿

【国際特許分類】 C12N 15/00  
C12N 15/10

【発明の名称】 新規遺伝子

【請求項の数】 33

【発明者】

    【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

    【氏名】 松田 昭生

【発明者】

    【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

    【氏名】 本田 剛一

【発明者】

    【住所又は居所】 静岡県富士市鮫島2番地の1 旭化成株式会社内

    【氏名】 村松 周治

【特許出願人】

    【識別番号】 000000033

    【氏名又は名称】 旭化成株式会社

【代理人】

    【識別番号】 100091096

    【弁理士】

    【氏名又は名称】 平木 祐輔

【選任した代理人】

    【識別番号】 100096183

    【弁理士】

    【氏名又は名称】 石井 貞次

【選任した代理人】

【識別番号】 100077425

【弁理士】

【氏名又は名称】 大屋 憲一

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 015244

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【包括委任状番号】 0007328

【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 新規遺伝子

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 以下の (a) または (b) の精製されかつ単離されたタンパク質。

(a) 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 または 149 で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 または 149 において 1 若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項 2】 請求項 1 記載のタンパク質とその全長にわたり 95% 以上のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつ NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有する精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項 3】 以下の (a) または (b) のタンパク質をコードするヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 または 149 で表されるヌクレオチド配列。



7、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【請求項4】 以下の(a)または(b)のポリヌクレオチド配列を含む単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるポリヌクレオチド配列および該単離されたポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a)のポリヌクレオチド配列とストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【請求項 5】 請求項 3 記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも 95%以上の同一性を有し、かつ NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項 6】 請求項 4 記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも 95%以上の同一性を有し、かつ NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【請求項 7】 請求項 3～6 のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドによりコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

【請求項 8】 適合性の宿主に存在するとき、請求項 3～6 のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

【請求項 9】 請求項 8 に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞

。 【請求項 10】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、9 記載の細胞の膜。

【請求項 11】 (a) 請求項 3～6 のいずれか 1 つに記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収する、  
ことを含むタンパク質の製造方法。

【請求項 12】 (a) 個体のゲノムにおける請求項 1 または 2 に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；  
および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の 2 倍以上あるいは 1/2 以下の場合に病気であると診断する方法。

【請求項 13】 以下の工程を含む NF- $\kappa$ B の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- $\kappa$ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子および NF- $\kappa$ B

の活性化に対応した、検出可能シグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、  
 (b) 該遺伝子が該形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程；および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

【請求項 1 4】 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

(a) NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【請求項 1 5】 NF- $\kappa$ B 活性化の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- $\kappa$ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子および NF- $\kappa$ B の活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および

(b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【請求項 1 6】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に特異的に結合する

モノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

【請求項 17】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することからなる、請求項 1 または 2 に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【請求項 18】 NF- $\kappa$ B の活性化タンパク質の発現を阻害する、請求項 3～6 のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

【請求項 19】 請求項 1 または 2 に記載のタンパク質をコードする RNA の開裂あるいは、I $\kappa$ B の分解へ導く経路のタンパク質をコードする RNA の開裂により、NF- $\kappa$ B の活性化を阻害するリボザイム。

【請求項 20】 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される疾患の治療に有効な量の請求項 13 に記載の方法でスクリーニングされた化合物および／または請求項 16 に記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または請求項 18 に記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または請求項 19 に記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

【請求項 21】 NF- $\kappa$ B を阻害または活性化するものとして請求項 14 に記載の方法により製造された医薬組成物。

【請求項 22】 NF- $\kappa$ B の活性化の阻害剤として炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染の治療のための請求項 21 に記載の医薬組成物。

【請求項 23】 NF- $\kappa$ B 活性化を患っている患者に請求項 14 に記載の方法により製造された化合物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染を治療する方法。

【請求項 24】 NF- $\kappa$ B の活性化剤として GVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN) などの皮膚疾患、IgA 腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎の治療のための請求項 21 に記載の医薬組成物。

【請求項 25】 NF- $\kappa$ B の阻害を患っている患者に請求項 14 に記載の方法により製造された化合物を投与することからなる GVHD、Toxic ep



idermal necrolysis (TEN) などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎を治療する方法。

【請求項26】 請求項16記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項27】 請求項18記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

【請求項28】 対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される、請求項26または27に記載の医薬組成物。

【請求項29】 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

- (a) オリゴキャッピング法を用いて完全長cDNAライブラリーを作製し、
  - (b) 完全長cDNAおよび該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに
  - (c) シグナルを発するプラスミドを選択する、
- 方法。

【請求項30】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、1

09、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【請求項31】 請求項30に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

【請求項32】 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質。

【請求項33】 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質、該タンパク質を

コードするDNA、該DNAの取得方法、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体ならびに該蛋白質と特異的に反応する抗体に関する。また、本発明は、NF- $\kappa$ Bの過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防を行う際の本発明のタンパク質、DNAまたは抗体の使用に関する。

また本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する物質をスクリーニングする方法に関する。

#### 【0002】

##### 【従来の技術】

転写因子NF- $\kappa$ B (Nuclear factor kappa B) は、炎症や免疫反応に関与する種々の遺伝子の転写調節において重要な役割を果たしている。NF- $\kappa$ Bは、Relファミリーに属するホモあるいはヘテロ二量体からなり、無刺激の状態では、制御タンパク質であるI $\kappa$ B (Inhibitory protein of NF- $\kappa$ B) と複合体を形成することによりその核移行シグナルが覆い隠され、細胞質内で不活性型として存在する。

#### 【0003】

細胞にインターロイキン (IL) -1、腫瘍壊死因子 (TNF) - $\alpha$ などのサイトカインの刺激が与えられると、I $\kappa$ BはIKK (I $\kappa$ B kinase) によってリン酸化され、ユビキチン化を経て26Sプロテアソームにより分解される。これにより遊離されたNF- $\kappa$ Bは核内に移行し、NF- $\kappa$ B結合配列と呼ばれているDNA配列に結合し、その制御下の遺伝子の転写を誘導する。NF- $\kappa$ Bによって発現調節を受けているとされている遺伝子は免疫グロブリン遺伝子の他、IL-1、TNF- $\alpha$ などの炎症性サイトカイン、インターフェロン、細胞接着因子等が知られており、NF- $\kappa$ Bはこれらの遺伝子の発現誘導を介して、炎症や免疫応答に関わっている。

#### 【0004】

NF- $\kappa$ Bの機能あるいは活性化を阻害することによって、炎症・免疫疾患やその他の疾病、たとえば腫瘍増殖、に関与している多くの因子 (タンパク質) の

発現を抑制できる可能性があり、自己免疫や炎症を原因・症状とする疾病に対する医薬の有望な標的である〔たとえば、*Clinical Chemistry* 45, 7-17 (1999)、*J. Clin. Pharmacol.* 38, 981-993 (1998)、*Gut* 43, 856-860 (1998)、*The New England Journal of Medicine* 366, 1066-1071 (1997)、*TIPS* 46-50 (1997)、*The FASEB Journal* 9, 899-909 (1995)、*Nature* 395, 225-226 (1998)、*Science* 278, 818-819 (1997)、*Cell* 91, 299-302 (1997)〕。

## 【0005】

細胞外からの情報は、何らかのシグナルの形に変えて、細胞膜を通過し細胞質をこえて核に到達し、標的遺伝子の発現を調節して細胞の応答が引き起こされる。そのため、細胞外の刺激からNF- $\kappa$ Bの活性化に至る細胞内におけるシグナル伝達の仕組みを解明することは、自己免疫疾患や炎症症状を呈する疾患に対する新たな医薬の開発あるいは治療法の開発に非常に重要な手段を提供することとなり、極めて重要な意義を有している。

## 【0006】

しかしながら、細胞が一定の刺激を受けてからNF- $\kappa$ Bの活性化に至るまでのシグナル伝達経路にはプロテインキナーゼなどの各種伝達分子が関わる多くのステップの存在が考えられ、従って、より効率的な創薬研究のためには、主要な役割を果たす伝達分子を明らかにした上でそれらに焦点をしばった新しい薬物スクリーニング方法を確立することが望まれる。しかし、NF- $\kappa$ Bの活性化のメカニズムは上記IKK、ユビキチン化酵素、26Sプロテアソームの他、TNF receptor associated factor 2 (TRAF2) やNF- $\kappa$ B inducing kinase (NIK) などの幾つかのシグナル伝達分子が同定され、少しずつ解明されつつあるものの、いまだ不明な点が多く、新たなシグナル伝達分子の同定とより進んだNF- $\kappa$ B活性化メカニズムの解明が望まれていた。

## 【0007】



## 【発明が解決しようとする課題】

本発明の課題は、上記のように有用なNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有する新規な遺伝子、タンパク質を見出し、これを医薬、診断薬、医療の分野で利用する方法を提供することにある。即ち、NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質、該タンパク質をコードするDNA、該DNAを含有する組換えベクター、該組換えベクターを含有する形質転換体、該タンパク質の製造方法、該タンパク質またはその部分ペプチドに対する抗体、該抗体の製造方法を提供する。

## 【0008】

また、本発明は、該タンパク質、DNA、組換えベクターおよび形質転換体を用いて、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する物質をスクリーニングする方法、該スクリーニング用キット、該スクリーニング方法もしくはスクリーニング用キットを用いて得られるNF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する物質、該物質の製造方法、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する物質を含有している医薬などを提供する。

## 【0009】

## 【課題を解決するための手段】

近年、生体内で発現している遺伝子を解析する手段として、cDNAの配列をランダムに解析する研究が活発に行われており、このようにして得られたcDNAの断片配列がEST (Expressed Sequence Tag、たとえば<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST>) として、データベースに登録され公開されている。しかし、ESTは配列情報のみであり、その機能を推定することは困難である。また、ESTはUniGene (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/UniGene>) により整備され、これまでに約8万種のESTが登録されている。しかし、その多くは5'端ヌクレオチド配列を欠損しており、タンパク質翻訳開始部位を含まない。そのため、mRNAのコード領域の決定を前提とするタンパク質の機能解析、プロモーターの解析による遺伝子発現制御の理解といった遺伝子機能の解析に直結しているとは言いがたい。

## 【0010】

一方、遺伝子の産物、すなわちタンパク質の機能を解明する方法の一つに、動

物細胞を用いた一過性発現クローニング法がある（たとえば、実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック）。この方法は、動物細胞発現ベクターを用いて作製した cDNA ライブラリーを、動物細胞にトランスフェクションすることで機能的なタンパク質を直接発現させ、このタンパク質が細胞に及ぼす生物活性を指標として cDNA を同定、クローニングする方法である。この方法では、目的とするタンパク質産物に関する化学的情報（アミノ酸配列や分子量）をあらかじめ必要とせず、細胞内や培養液中に発現しているタンパク質の特異的生物活性を検出して cDNA クローンの同定を行うことができる。

## 【0011】

この発現クローニングを効率良く行なうためには、cDNA ライブラリーの作製方法を工夫する必要がある。なぜなら、従来より汎用されている cDNA ライブラリー作製方法には幾つかの方法があるが（たとえば Gubler-Hoffman の方法：Gene 25（1983）オカヤマ-バーグの方法：Mol. Cell. Biol. 2（1982））、これらの方法によって作製された cDNA は、そのほとんどが 5' 末端ヌクレオチド配列を欠損したものであり、完全長（mRNA の全ヌクレオチド配列を含む）であることは稀であるからである。その理由は、mRNA から cDNA を作るのに使用する逆転写酵素が、完全長の cDNA を作る効率が必ずしも高くないからである。

## 【0012】

さらに、遺伝子の機能解析を試みるに際しては、完全長 cDNA をクローニングし、そこからタンパク質を発現させることが必須の要件である。従って、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーを作製することが、発現クローニングを効率良く行なうために必要であった。

## 【0013】

本発明者らは、上記課題を解決するために鋭意研究を重ねた結果、オリゴキャッピング法を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製し、293EBNA 細胞を用いたアッセイ系を完成し、該アッセイ系により NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする新規 DNA（cDNA）を単離することに成功した。この新規 DNA は、293EBNA 細胞内で発現させることにより NF-

$\kappa$ Bの活性化を誘発した。この結果は、この新規DNAがNF- $\kappa$ Bの活性化に関与するシグナル伝達分子であることを示しており、本発明を完成するに至った。

【0014】

すなわち、本発明は

(1) 以下の(a)または(b)の精製され、かつ単離されたタンパク質。

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0015】

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0016】

(2) 上記(1)記載のタンパク質とその全長にわたり少なくとも95%のアミノ酸配列の同一性を有するタンパク質であり、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有する、精製されかつ単離されたタンパク質。

(3) 以下の(a)または(b)のタンパク質をコードするヌクレオチド配列

を包含する、単離されたポリヌクレオチド。

【0017】

(a) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質。

【0018】

(b) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149において1若しくは複数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質。

【0019】

(4) 以下の(a)または(b)のポリヌクレオチド配列を含む単離されたポリヌクレオチド。

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、13

2、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるポリヌクレオチド配列および該単離されたポリヌクレオチドに相補的なポリヌクレオチド配列。

(b) (a) のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列。

【0020】

(5) 上記(3)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

(6) 上記(4)記載のポリヌクレオチドと全長にわたり少なくとも95%以上の同一性を有し、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするポリヌクレオチド配列を包含する単離されたポリヌクレオチド。

【0021】

(7) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドによりコードされる精製されかつ単離されたタンパク質。

(8) 適合性の宿主に存在するとき、上記(3)～(6)のいずれか1つに記載のポリヌクレオチドを含有する組換えベクター。

(9) 上記(8)に記載の組換えベクターを含む形質転換された細胞。

【0022】

(10) 上記(1)または(2)に記載のタンパク質が膜タンパク質である場合における、上記(9)記載の細胞の膜。

(11) (a) 上記(3)～(6)のいずれか1つに記載の単離されたポリヌクレオチドがコードするタンパク質を発現する条件下該ポリヌクレオチドを含有する形質転換された細胞を培養し、

(b) 培地からタンパク質を回収することを含む、  
タンパク質の製造方法。

【0023】

(12) (a) 個体のゲノムにおける上記(1)または(2)に記載のタンパ

ク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む該個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の 2 倍以上の場合あるいは 1 / 2 以下の場合に病気であると診断する方法。

【 0 0 2 4 】

(13) 以下の工程を含む NF- $\kappa$ B の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングする方法。

(a) NF- $\kappa$ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子および NF- $\kappa$ B の活性化に対応した、検出可能シグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が該形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程；および

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

【 0 0 2 5 】

(14) 以下の工程を含む、医薬組成物を製造する方法。

(a) NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供しうる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で該形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の候補化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【 0 0 2 6 】

(15) NF- $\kappa$ B 活性化の阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットであって、

(a) NF- $\kappa$ B を活性化するタンパク質をコードする遺伝子および NF- $\kappa$ B の活性化後、検出可能なシグナルを提供しうる成分により形質転換された細胞、および

(b) 検出可能なシグナルを測定するための試薬を含むキット。

【 0 0 2 7 】

(16) 上記 (1) または (2) に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルあるいはポリクローナル抗体。

(17) 上記 (1) または (2) に記載のタンパク質を抗原あるいはエピトープ含有フラグメントととして非ヒト動物に投与することからなる、上記 (1) または (2) に記載のタンパク質に特異的に結合するモノクローナルまたはポリクローナル抗体の製造方法。

【 0 0 2 8 】

(18) NF- $\kappa$ B の活性化タンパク質の発現を阻害する、上記 (3) ~ (6) のいずれか 1 つに記載のポリヌクレオチドに相補的なアンチセンスオリゴヌクレオチド。

(19) 上記 (1) または (2) に記載のタンパク質をコードする RNA の開裂あるいは、I $\kappa$ B の分解へ導く経路のタンパク質をコードする RNA の開裂により、NF- $\kappa$ B の活性化を阻害するリボザイム。

【 0 0 2 9 】

(20) 炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から選択される

疾患の治療に有効な量の上記（１３）記載の方法でスクリーニングされた化合物および／または上記（１６）記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体および／または上記（１８）記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドおよび／または上記（１９）記載のリボザイムを個体に投与することを含む疾患の治療法。

【0030】

（２１）NF- $\kappa$ Bを阻害または活性化するものとして上記（１４）に記載の方法により製造された医薬組成物。

（２２）NF- $\kappa$ Bの活性化の阻害剤として炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染の治療のための上記（２１）記載の医薬組成物。

【0031】

（２３）NF- $\kappa$ B活性化を患っている患者に上記（１４）記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなる炎症、自己免疫疾患、癌およびウイルス性感染を治療する方法。

（２４）NF- $\kappa$ Bの活性化剤としてGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎の治療のための上記（２１）記載の医薬組成物。

【0032】

（２５）NF- $\kappa$ Bの阻害を患っている患者に上記（１４）記載の方法により製造された医薬組成物を投与することからなるGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎などの増殖性腎炎および劇症肝炎を治療する方法。

【0033】

（２６）上記（１６）記載のモノクローナルまたはポリクローナル抗体を有効成分として含有する医薬組成物。

（２７）上記（１８）記載のアンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬組成物。

【0034】

（２８）対象疾患が炎症、自己免疫疾患、感染症および癌疾患からなる群から



選択される、上記（26）または（27）に記載の医薬組成物。

（29） 機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、少なくとも以下の工程を含む方法。

- （a）オリゴキャッピング法を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製し、
- （b）完全長 cDNA および該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナルを発する因子を含有するプラスミドを細胞中にコトランスフェクションし、さらに
- （c）シグナルを発するプラスミドを選択する。

【0035】

（30） 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148 または 150 で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも 1 以上を含むデータセットおよび／または配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 および 149 で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも 1 以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体。

【0036】

（31） 上記（30）に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列および／または他のアミノ酸配列のデータを比較して他のポリヌクレオチド配列および／またはアミノ酸配列との同一性の算出を行う方法。

(32) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148および150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質。

【0037】

(33) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質。

【0038】

まず、本発明の基本的特徴を更に明らかにするために、本発明の完成に至る経緯を追いながら、本発明について説明する。NF- $\kappa$ Bを活性化作用を有する新規遺伝子を取得する目的で、実施例に示すように、以下の実験を実行した。まずヒト正常肺線維芽細胞（三光純薬株式会社より購入）より調整したmRNAより、オリゴキャッピング法によって完全長cDNAを作製し、該cDNAをベクターpME18S-FL3（GenBank Accession AB009864）に組み込んだ完全長cDNAライブラリーを作製した。次に、該cDNAライブラリーを大腸菌に導入し、1クローンずつプラスミドを調整した。次に、293-EBNA細胞（インビトロジェン社）に、ルシフェラーゼをコードするDNAを含有するpNF- $\kappa$

B-Luc レポータープラスミド (STRATAGENE 社) と上記の完全長 cDNA プラスミドとを共導入した。そして、24 時間あるいは 48 時間培養後、ルシフェラーゼ活性を測定し、ルシフェラーゼ活性が対照実験 (完全長 cDNA の代わりに、ベクター pME18S-FL3 を入れた細胞) と比べて有意に上昇している (対照実験と比べてルシフェラーゼ活性が 10 倍以上の値を示した) プラスミドを選抜し、該プラスミドにクローニングされている cDNA の全ヌクレオチド配列を決定した。このようにして得られた cDNA によりコードされるタンパク質は、該タンパク質が NF- $\kappa$ B の活性化に参与するシグナル伝達分子であることを示している。

## 【0039】

次に、以下に本発明について詳細に説明する。

配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147 または 149 のアミノ酸配列に関連して、本発明は、以下のタンパク質を提供する。

## 【0040】

- (a) 上記アミノ酸配列を含むタンパク質。
- (b) 上記アミノ酸配列の 1 つを有するペプチド。
- (c) NF- $\kappa$ B を活性化し、かつ上記アミノ酸配列において、1 以上のアミノ酸の削除、置換または付加を有するタンパク質。
- (d) その全長にわたり以下の配列番号のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99% の同一性を有するアミノ酸配列を含むタンパク質。
- (e) その全長にわたり以下の配列番号のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99% の同一性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質。

## 【0041】

“同一性”とは、当該技術で知られているとおり、配列を比較することにより決定される、2以上のタンパク質あるいは2以上のポリヌクレオチドの間の関係である。当該技術で“同一性”とは、またタンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の適合によって、あるいは場合によっては、一続きのそのような配列間の適合によって決定されるような、タンパク質またはポリヌクレオチド配列の間の配列相関性の程度を意味する。“同一性”および“類似性”は、既知の方法により容易に決定できる。同一性を決定する好ましい方法は、試験する配列間で最も長く適合するように設計される。同一性および類似性を決定するための方法は、公に利用可能なプログラムにコードされている。相同性決定には、AltschulらによるBLAST (Basic Local Alignment Search Tool) プログラム（たとえば、Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ., J. Mol. Biol., 215: p403-410 (1990), Altschul SF, Madden TL, Schaffer AA, Zhang J, Miller W, Lipman DJ., Nucleic Acids Res. 25: p3389-3402 (1997))を利用し決定することができる。

上記した配列番号1等に記載されたアミノ酸配列からなるタンパク質がNF- $\kappa$ Bを活性化作用を有することは、本願明細書実施例に記載の通りである。

#### 【0042】

配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150のポリヌクレオチドに関連して、本発明は、また以下の単離されたポリヌクレオチドを提供する。

#### 【0043】

(a) 上記配列に少なくとも95%、好ましくは97-99%の同一性を有するヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド。

(b) その全長にわたり上記配列に少なくとも 95%、好ましくは、97-99%の同一性を有するヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド。

(c) 上記配列のポリヌクレオチド。

(d) 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149のアミノ酸配列に少なくとも 95%、好ましくは 97~99%の同一性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするヌクレオチド配列を有するポリヌクレオチド。

#### 【0044】

上記ヌクレオチド配列に含まれるヌクレオチド配列に同一または十分に同一なポリヌクレオチドは、cDNAまたはゲノムDNAのためのハイブリダイゼーションプローブとして、あるいは本発明のタンパク質をコードする全長cDNAおよびゲノムクローンを単離し、また上記配列に対する相同性の高い他の遺伝子のcDNAまたはゲノムクローンを単離するための核酸増幅反応のためのプライマーとして使用してもよい。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記配列に70%同一であり、好ましくは、80%同一であり、より好ましくは90%同一であり、最も好ましくは、95%同一である。プローブまたはプライマーは、一般的には少なくとも15ヌクレオチドを含有し、好ましくは30ヌクレオチドを含有し、50ヌクレオチドを含有してもよい。特に好ましいプローブは、30~50ヌクレオチドを有する。特に好ましいプライマーは、20~25ヌクレオチドを有する。

#### 【0045】

本発明のポリヌクレオチドは、DNAの形態(たとえば、cDNAおよびクローニングによって得られるか、あるいは合成的に生成されるゲノムDNAを含む

)であってもよく、RNA (たとえばmRNA) の形態であってもよい。該ポリヌクレオチドは、二本鎖であっても、一本鎖であってもよい。二本鎖の場合は、二本鎖DNA、二本鎖RNAまたはDNA:RNAのハイブリッドであってもよい。一本鎖の場合は、センス鎖(コード鎖としても知られる)であっても、アンチセンス鎖(非コード鎖としても知られる)であってもよい。

## 【0046】

当業者であれば、公知の方法を用いてこのタンパク質中のアミノ酸の置換などを適宜行い、配列番号1等に記載のアミノ酸配列を有するタンパク質と同様にNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質を作製することが可能である。一つの方法としては、該タンパク質をコードするDNAに対して、慣用の突然変異誘発法を使用する方法がある。別の方法としてはたとえば部位特異的変異法(たとえば宝酒造株式会社のMutagen-Super Express Km キット)が挙げられる。また、タンパク質のアミノ酸の変異は自然界においても生じうる。このようにアミノ酸の欠失、置換、付加により配列番号1等のタンパク質に対してアミノ酸配列が変異した変異体であって、NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質及び該タンパク質をコードするDNAも本発明に含まれる。変異の数は、好ましくは10まで、より好ましくは5まで、最も好ましくは3までが好ましい。

## 【0047】

アミノ酸置換の例としては、以下のグループ内での置換が挙げられる。(グリシン、アラニン)(バリン、イソロイシン、ロイシン)(アスパラギン酸、グルタミン酸)(アスパラギン、グルタミン)(セリン、トレオニン)(リジン、アルギニン)(フェニルアラニン、チロシン)。

## 【0048】

当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術などを用いて配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101

、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするDNA（たとえば配列番号2）またはその一部を基に、これと類似性の高いDNAを単離して、該DNAから配列番号1等で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質と同様にNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質を得ることも通常行い得ることである。このように上記した配列番号1等で表されるアミノ酸配列のタンパク質と高い同一性を有するタンパク質であって、NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質も本発明のタンパク質に含まれる。高い同一性とは、上記配列番号1等の全長にわたり少なくとも90%、好ましくは、少なくとも97-99%の同一性を有するアミノ酸配列を示す。

## 【0049】

本発明のタンパク質としては、ヒトや哺乳動物のあらゆる細胞や組織に由来する天然のタンパク質でもよく、化学合成タンパク質であってもよく、また遺伝子組換え技術によって得られたタンパク質でもよい。タンパク質は糖鎖やリン酸化などの翻訳後修飾は受けていても受けていなくても良い。

## 【0050】

本発明は、上記で示される本発明のタンパク質をコードするポリヌクレオチドである。上記の配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列としてより具体的には、たとえば配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、

38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150で表されるヌクレオチド配列が挙げられる。DNAはcDNAのほか、ゲノムDNA、化学合成DNAも含まれる。遺伝暗号の縮重に従い、遺伝子から生産されるタンパク質のアミノ酸配列を変えることなく配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列からなるタンパク質をコードするヌクレオチド配列の少なくとも1つのヌクレオチドを他の種類のヌクレオチドに置換することができる。従って、本発明のDNAはまた、遺伝暗号の縮重に基づく置換によって変換されたヌクレオチド配列も含有する。このようなDNAは、公知の方法により合成することができる。

## 【0051】

本発明のDNAは、配列番号2等で表されるヌクレオチド配列からなるDNAとストリンジントな条件下でハイブリダイズし、かつNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするDNAも含まれる。ストリンジントな条件とは、当業者には十分理解できることであり、たとえば、T. Maniatisらの実験操作書(Molecular Cloning A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory 1982、1989)に従えば容易に実施できる。

## 【0052】



すなわち、ストリンジェントな条件とは、30%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中（5×SSC（0.75MのNaCl、75mMのクエン酸三ナトリウム）、5×デンハルト溶液、0.5%SDS、100μg/mlの変性せん断サケ精子DNA）で37℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで1×SSC、0.1%SDS中、37℃で10分の洗浄を2回行う条件である（低ストリンジェンシー）。より好ましい条件は、40%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、1%SDS中、42℃で10分の洗浄を2回行う条件である（中ストリンジェンシー）。最も好ましい条件は、50%ホルムアミドを含むハイブリダイゼーション溶液中で42℃のインキュベーションを一晩行い、その後2×SSC、0.1%SDS中、室温で10分の洗浄を3回行い、次いで0.2×SSC、0.1%SDS中、50℃で10分の洗浄を2回行う条件である（高ストリンジェンシー）。この際、得られたDNAは、NF-κBを活性化する作用を有するタンパク質をコードすることが必須である。

## 【0053】

本発明は、上記（3）あるいは（4）のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列と高い類似性を有し、かつNF-κBを活性化する作用を有するタンパク質をコードするヌクレオチドを含むポリヌクレオチドを含む。代表的には、これらのヌクレオチド配列は、上記（3）または（4）のポリヌクレオチドのヌクレオチド配列の全長にわたり95%同一であり、より好ましくは97%同一であり、最も好ましくは少なくとも99%同一である。

上記の本発明のDNAは、前述のタンパク質を、組換えDNA技術を用いて製造するのに用いることができる。本発明のDNA及びペプチドは、概略以下のようにして得ることができる。

## 【0054】

- (A) 本発明のタンパク質をコードするDNAをクローニングする。
- (B) タンパク質の全コード領域あるいはその一部をコードするDNAを発現用

ベクターに組み込んで、組換えベクターを構築する。

(C) 構築した組換えベクターにより、宿主細胞を形質転換する。

(D) 得られた細胞を培養し、該タンパク質、またはその類縁体を発現させ、カラムクロマトグラフィーにより精製する。

【 0 0 5 5 】

上記の工程中でDNA、組換え体宿主としての大腸菌等の取り扱いに必要な一般的な操作は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。使用する酵素、試薬類も全て市販の製品を用いることができ、特に断らない限り、製品で指定されている使用条件に従えば、完全にそれらの目的を達成することができる。以下に上記(A)～(D)の工程について更に詳しく説明する。

【 0 0 5 6 】

上記(A)における本発明のタンパク質をコードするDNAのクローニングの手段としては、本願明細書実施例に記載した方法の他に、本発明のヌクレオチド配列(たとえば配列番号2)を有する合成DNAをプライマーとしたPCR法によって増幅する方法、あるいは、適当なベクターに組み込んだDNAを本発明のタンパク質の一部あるいは全領域をコードするDNA断片もしくは合成DNAを標識したものとのハイブリダイゼーションによって選別すること、などが挙げられる。細胞、組織より全RNAまたはmRNA画分を調製したものを用いて直接Reverse Transcriptase Polymerase Chain Reaction(RT-PCR法)によって増幅することもできる。適当なベクターに組み込んだDNAとしては、たとえば市販されている(CLONTECH社、STRATAGENE社)ライブラリーを使用することができる。ハイブリダイゼーションの方法は、当業者間で通常行われているものであり、たとえば、上記T. Maniatisらの実験操作書に従えば容易に実施できる。クローン化された本発明のタンパク質をコードするDNAは目的によりそのまま、または所望により制限酵素で消化したり、リンカーを付加したりして使用することができる。上記のようにして得られるDNAは、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、

34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150に記載のヌクレオチド配列を有する遺伝子であるか、あるいは前述の(3)～(6)のポリヌクレオチドであればよい。上記(B)において発現ベクターに組み込むDNAは、上述のタンパク質の全長をコードする全長cDNAでも、DNA断片でも良いし、その一部分を発現する様に構築されたDNA断片でも良い。

【0057】

すなわち、本発明は、上記のDNAを含有する組換えベクターである。本発明のタンパク質の発現ベクターは、たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNAから目的とするDNA断片を切り出し、該DNA断片を適当な発現ベクター中のプロモーターの下流に連結することにより製造することができる。

【0058】

用いる発現ベクターとしては、複製可能であれば、大腸菌をはじめとする原核生物由来、酵母由来、真菌由来、昆虫ウイルス由来、脊椎動物ウイルス由来いずれのベクターでも良いが、宿主として使用する微生物または細胞に適したものを選択する必要がある。また、発現物に応じて、宿主細胞-発現ベクター系としては、適切な組み合わせが選択される。

【0059】

微生物を宿主として使用する場合、これら微生物に適したプラスミドベクターが組み換え体DNAの複製可能な発現ベクターとして一般に用いられる。

たとえば、大腸菌を形質転換するためのプラスミドベクターとしては、プラスミドpBR322やpBR327などを用いることができる。プラスミドベクターは通常複製起源、プロモーター、及び組換え体DNAで形質転換した細胞を選別するのに有用な表現型を組換え体DNAに与えるマーカー遺伝子等を含んでいる。プロモーターの例としては、 $\beta$ -ラクタマーゼプロモータ、ラクトースプロ

モーター、トリプトファンプロモーター等が挙げられる。マーカー遺伝子の例としては、アンピシリン耐性遺伝子やテトラサイクリン遺伝子などが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド pBR322、pBR327の他に、pUC18、pUC19等が挙げられる。

## 【 0 0 6 0 】

酵母で本発明のDNAを発現するためには、複製可能なベクターとして、たとえばYEp24を用いることができる。プラスミドYEp24はURA3遺伝子を含っており、このURA3遺伝子をマーカー遺伝子として利用することができる。酵母細胞用の発現ベクターのプロモーターの例としては、3-ホスホグリセレートキナーゼ、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ、アルコールデヒドロゲナーゼなどの遺伝子プロモーター等が挙げられる。

## 【 0 0 6 1 】

真菌で本発明のDNAを発現するための発現ベクターに用いられるプロモーター及びターミネーターの例としては、ホスホグリセレートキナーゼ(PGK)、グリセルアルデヒド-3-ホスフェートデヒドロゲナーゼ(GAPD)、アクチン等の遺伝子プロモーター及びターミネーターが挙げられる。適した発現ベクターの例としては、プラスミドpPGACY2、pBSFAHY83等が挙げられる。

昆虫細胞で本発明のDNAを発現させるための発現ベクターに用いられるプロモーターの例としては、ポリヘドリンプロモーター、P10プロモーターなどが挙げられる。

## 【 0 0 6 2 】

動物細胞で本発明のDNAを発現させるための組換えベクターは、一般に遺伝子を制御するための機能配列、たとえば、複製起源、本発明のDNAの上流に位置すべきプロモーター、リボソーム結合部位、ポリアデニル化部位や転写終止配列を含っている。本発明のDNAを真核細胞内で発現させるのに用いることができるそのような機能配列はウイルスやウイルス性物質から得ることができる。例えば、SR $\alpha$ プロモーター、SV40プロモーター、LTRプロモーター、CMV(サイトメガロウイルス)プロモーター、HSV-TKプロモーターなどが

あげられる。これらのうち、CMVプロモーター、SR $\alpha$ プロモーターなどを用いるのが好ましい。また、本発明のタンパク質をコードする遺伝子上流位置に本来存在するプロモーターも、上述の宿主ベクター系で使用するのに適しているならば使用することができる。複製起源については、外来性の起源、たとえばアデノウイルス、ポリオーマ、SV40等のウイルス由来の複製起点を用いることができる。また、発現ベクターとして宿主染色体に組み込まれるような性質を有するベクターを用いる場合、宿主染色体の複製起源を利用することができる。適した発現ベクターの例としては、プラスミド pSV-dhfr (ATCC 37146)、pBPV-1 (9-1) (ATCC 37111)、pcDNA3.1 (INVITROGEN社)、pME18S-FL3等が挙げられる。

## 【0063】

本発明は、上記の組換えベクターを含む形質転換された細胞である。本発明の複製可能な組換えベクターで形質転換された微生物または細胞は、前述の通り、組換えベクターに与えられた少なくとも1種の表現型によって形質転換されずに残った親細胞から選別される。表現型は少なくとも1種のマーカー遺伝子を組換えベクターに挿入することによって与えることができる。また複製可能なベクターが本来有しているマーカー遺伝子を利用することもできる。マーカー遺伝子の例としては、たとえば、ネオマイシン耐性などの薬剤耐性遺伝子やジヒドロ葉酸レダクターゼをコードする遺伝子などが挙げられる。

## 【0064】

上記(C)において用いる宿主としては、大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良いが、用いる発現ベクターに適したものを選択する必要がある。微生物の例としては、エシユリヒア コリ (*Escherichia coli*) の菌株、たとえば *E. coli* K12株294 (ATCC 31446)、*E. coli* X1776 (ATCC 31537)、*E. coli* C600、*E. coli* JM109、*E. coli* B株、あるいはバチラス サブチリス (*Bacillus subtilis*) の如き *Bacillus* 属の菌株、あるいはサルモネラ チフィムリウム (*Salmonella typhimurium*) またはセラチア マー

ゼサンス (*Serratia marcesans*) 等の大腸菌以外の腸内菌、あるいはシュードモナス (*Pseudomonas*) 属の種々の菌株が挙げられる。酵母としては、たとえば、サッカロミセス セレビシエ (*Saccharomyces cerevisiae*)、シゾサッカロマイセス ポンベ (*Schizosaccharomyces pombe*)、ピキア パストリス (*Pichia pastoris*) などが用いられる。真菌としては、たとえば、アスペルギルス ニドランス (*Aspergillus nidulans*)、アクレモニウム クリソゲナム (*Acremonium chrysogenum*) (ATCC 11550) 等が挙げられる。

## 【0065】

昆虫細胞としては、たとえば、ウイルスがAcNPVの場合は、夜盗蛾の幼虫由来株化細胞 (*Spodoptera frugiperda*: Sf細胞)、*Trichoplusia ni*の卵由来のHigh Five<sup>TM</sup>細胞、などが用いられる。動物細胞の例としては、HEK293細胞、COS-1細胞、COS-7細胞、HeLa細胞、チャイニーズハムスター (CHO) 細胞等が挙げられる。これらの中でも、CHO細胞およびHEK293細胞が好ましい。

細胞を宿主とする場合、用いられる発現ベクターと宿主細胞の組合せは実験の目的により異なるが、その組合せにより、一過的発現、構成的発現の2種類の発現方式が考えられる。

## 【0066】

上記(C)における微生物及び細胞の形質転換とは、DNAを強制的な方法や、細胞の貪食能により微生物や細胞に取り込ませ、プラスミド状態あるいは染色体に組み込まれた状態でDNAの形質を一過的あるいは構成的に発現させることである。当業者であれば公知の方法によって形質転換できる(たとえば実験医学別冊遺伝子工学ハンドブック)。たとえば動物細胞の場合、DEAE-デキストラン法、リン酸カルシウム法、エレクトロポレーション法(電気穿孔法)、リポフェクション法などの方法でDNAを細胞に導入することができる。動物細胞を用いて、本発明のタンパク質を安定に発現させる方法としては、上記の動物細胞に導入された発現ベクターが染色体に組み込まれた細胞をクローン選択によって選

択する方法がある。具体的には、上記の選択マーカーを指標にして形質転換体を選択する。さらに、このように選択マーカーを用いて得られた動物細胞に対して、繰り返しクローン選択を行なうことにより本発明のタンパク質の高発現能を有する安定な動物細胞株を得ることができる。また、Dihydrofolate reductase (DHFR) 遺伝子を選択マーカーとして用いた場合Methotrexate (MTX) 濃度を徐々に上げて培養し、耐性株を選択することにより、DHFR遺伝子とともに、本発明のタンパク質をコードするDNAを細胞内で増幅させて、さらに高発現の動物細胞株を得ることもできる。

## 【 0 0 6 7 】

上記の形質転換された細胞を本発明のタンパク質をコードするDNAが発現可能な条件下で培養し、本発明のタンパク質を生成、蓄積せしめることによって、本発明のタンパク質を製造することができる。すなわち、本発明は、上記(3)～(6)に記載の単離されたポリヌクレオチドを含む形質転換された細胞を、該ポリヌクレオチドによりコードされているタンパク質を発現させる条件下培養し、次いで培地から該タンパク質を回収することを含む該タンパク質の製造方法である。

## 【 0 0 6 8 】

上記の形質転換された細胞の培養は、当業者に公知の方法で行なうことができる(たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社)。たとえば動物細胞の場合、各種の動物細胞培養法、たとえば、シャーレ培養、マルチトレイ式培養、モジュール培養などの付着培養、または細胞培養用担体(マイクロキャリアー)に付着させるか生産細胞自体を浮遊化させ浮遊培養等の公知の方法により培養を行なえば良い。培地は通常良く用いられる動物細胞用の培地、たとえばD-MEMやRPMI 1640等を用いれば良い。

## 【 0 0 6 9 】

上記培養物から本発明のタンパク質を分離精製するには、自体公知の分離・精製法を適切に組み合わせて行なうことができる。これらの公知の分離、精製法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、お

よび SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、アフィニティークロマトグラフィーなどの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などが用いられる。たとえば、本発明のタンパク質は、硫酸またはエタノール沈殿、酸抽出、アニオンまたはカチオン交換クロマトグラフィー、ホスフォセルロースクロマトグラフィー、疎水性相互作用クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、ヒドロキシアパタイトクロマトグラフィーおよびレクチンクロマトグラフィーを含む既知の方法により組換え細胞培養物から回収し、精製することができる。最も好ましくは、高性能液体クロマトグラフィーが精製に使用される。ポリペプチドが細胞内合成、単離または精製の間に変性するときには、活性なコンフォーメーションを再生するためにタンパク質をリフォールディングするためのよく知られた技術を使用できる。

## 【 0 0 7 0 】

本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として製造することができる。これらも、本発明に含まれる。この融合タンパク質を発現する際に用いられるベクターとしては、該タンパク質をコードする DNA を組み込むことができ、かつ該融合タンパク質を発現することができるベクターであれば、いかなるベクターでも用いることができる。本発明のペプチドに融合できるタンパク質としては、たとえばグルタチオン-S-トランスフェラーゼ (GST)、ヒスチジン残基の 6 個の連続配列 ( $6 \times \text{His}$ ) 等が挙げられる。本発明のタンパク質を他の蛋白質と融合した蛋白質として発現させた場合には、融合した蛋白質に親和性をもつ物質を用いたアフィニティークロマトグラフィーを用いて精製することができ、有利である。例えば、GST との融合蛋白質として生産した場合は、グルタチオンをリガンドとするアフィニティークロマトグラフィーにより精製することができる。

## 【 0 0 7 1 】

本発明は、上記 (7) のタンパクの活性を阻害するタンパクを含む。たとえば、抗体や上記 (7) のタンパクの活性中心等に結合し、活性の発現を妨げる他の



タンパクが挙げられる。

本発明は、前記の本発明のタンパク質あるいはその部分ペプチドに特異的に結合する抗体ならびにそのような抗体の製造方法に関する。抗体は、本発明のタンパク質を認識し得る抗体であれば、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体、ならびにこれらの抗体のフラグメント、一本鎖抗体、ヒト化抗体の何れであってもよい。抗体フラグメントは、公知の技術によって作製することができる。たとえば、該抗体フラグメントには、限定されるものではないが、 $F(a b')_2$  フラグメント、 $F a b'$  フラグメント、 $F a b$  フラグメント及び  $F v$  フラグメントが含まれる。たとえば、モノクローナル抗体またはポリクローナル抗体は、上記（１）または（２）に記載のタンパク質を抗原またはエピトープ含有フラグメントとして非ヒト動物に投与することにより得られる。本発明のタンパク質に対する抗体は、本発明のタンパク質あるいはそのペプチドを抗原として用い、自体公知の抗体または抗血清の製造法に従って製造することができる。たとえば実験医学別冊 新遺伝子工学ハンドブック 改訂第３版に記載の方法が挙げられる。

#### 【 0 0 7 2 】

ポリクローナル抗体の場合であれば、たとえば、本発明のタンパク質をウサギなどの動物に本発明のタンパク質あるいはペプチドを注射することにより該タンパク質あるいはペプチドに対する抗体を産生させ、次いで血液を採取し、これを、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

#### 【 0 0 7 3 】

モノクローナル抗体の場合は、たとえば、本発明のタンパク質をマウスなどの動物に免疫し、同マウスから脾臓を抽出し、これをすりつぶして細胞にし、マウスミエローマ細胞とポリエチレングリコールなどの試薬により融合させ、これによりできた融合細胞（ハイブリドーマ）の中から、本発明のタンパク質に対する抗体を産生するクローンを選択する。次いで、得られたハイブリドーマをマウス腹腔内に移植し、同マウス内より腹水を回収し、得られたモノクローナル抗体を、たとえば硫酸沈殿、イオン交換クロマトグラフィー、あるいは該タンパク質を

固定化したアフィニティーカラム等によって精製することで調製することができる。

【0074】

得られた抗体をヒトに投与する目的で使用する場合は、免疫原性を低下させるために、ヒト型化抗体あるいはヒト抗体を用いることが好ましい。ヒト型化抗体は、トランスジェニックマウスまたは他の哺乳動物を用いて作製することができる。ヒト型化抗体の一般的概説は、たとえば、Morrison, S. L. et al. [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 81: 6851-6855 (1984)]、Jones, P. T. et al [Nature 321: 522-525 (1986)]、野口浩〔医学のあゆみ 167: 457-462 (1993)〕、松本隆志〔化学と生物 36: 448-456 (1998)〕によって供されている。ヒト化キメラ抗体は、マウス抗体のV領域とヒト抗体のC領域を遺伝子組換えにより結合し、作製することができる。ヒト化抗体は、マウスのモノクローナル抗体から相補性決定部位(CDR)以外の領域をヒト抗体由来の配列に置換することによって作製できる。また、免疫系をヒトのものと入れ換えたマウスを用いて、該マウスを免疫して、通常モノクローナル抗体と同様に直接ヒト抗体を作製することもできる。これらの抗体は、タンパク質を発現するクローンを単離したり同定するのに使用できる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質を細胞抽出液、または本発明のタンパク質を産生する形質転換細胞から精製するのに使用できる。更にこれらの抗体は、細胞や組織中の本発明のタンパク質を検出するELISAやRIA(ラジオイムノアッセイ)、またはウエスタンブロット系の構築に使用できる。このような検出系は、動物、好ましくは、ヒトの組織または血管内流体などの身体サンプル中に存在する本発明のタンパク質の存在量を検出する診断目的に使用することができる。たとえば、これらの抗体は、炎症、自己免疫疾患、感染症(一例としてHIV感染)、癌などの、本発明のタンパク質の(発現)異常に起因するHF- $\kappa$ Bの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の診断に使用できる。疾患の診断の基礎を提供するために、本発明のタンパク質の発現についての通常値、すなわち標準値が確立されなければならないが、これは当業者においては周知の技術である。す

なわち、複合体形成のための適切な条件下で、ヒトあるいは動物のどちらでもよいが、正常の被験者から得られた体液あるいは細胞抽出物と、本発明のタンパク質に対する抗体とを結合させ、この抗体-タンパク複合体の量を化学的または物理的手段により検出し、これを既知量の抗原（本発明のタンパク質）を含む標準液を用いて作成した標準曲線を用いて、正常サンプルから得られた標準値を算出する。標準値と本発明のタンパク質が関係する疾患を潜在的に患う被験者からのサンプルから得られた値と比較し、標準値との偏差によって疾病の存在を確認することができる。また、これらの抗体は、本発明のタンパク質の機能を研究する試薬としても用いることができる。

## 【 0 0 7 5 】

本発明の抗体は精製され得、次いで、たとえば、炎症、自己免疫疾患、感染症（一例としてH I V感染）、癌などの、本発明のタンパク質の（発現）異常に起因するH F -  $\kappa$  Bの望ましくない活性化によって特徴付けられる疾患の患者に投与され得る。すなわち本発明は、上記に記載の抗体を有効成分として含有する医薬、および抗体を用いた治療方法である。これらの医薬は治療的使用のためにさらなる有効成分または不活性成分（たとえば、従来の薬学的に受容可能なキャリアまたは希釈剤（たとえば、免疫原性アジュバント）と、生理学的に無毒の安定化剤および賦形剤とともに組み合わせられ得る。これらの組み合わせは、濾過滅菌され、そして凍結乾燥により投薬バイアル中に、または安定化水性調製物中の貯蔵物として投薬形態にされ得る。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射などの当業者に公知の方法により行い得る。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。これらの抗体は、本発明のタンパク質で仲介されるN F -  $\kappa$  Bの活性化を阻害し、治療効果を示す。

## 【 0 0 7 6 】

本発明のDNAは、細胞内シグナリングプロセスに関与する他のタンパク質を単離、同定、クローン化することにも使用できる。たとえば、本発明のタンパク質をコードするDNA配列は、コードされたタンパク質を「バイト（b a i t）」として用いて、c DNAまたはゲノムDNAライブラリーから、本発明のタン

パク質に結合できるタンパク質をコードする他の配列「プレイ (prey)」を単離し、クローン化する酵母ツーハイブリッドシステム (たとえば Nature、340:245-246 (1989)) に用いることができる。同様の方式で、本発明のタンパク質が、他の細胞タンパク質 (たとえば NIK, TRAF2) に結合できるかどうかも決定することができる。あるいは別の方法として、本発明のタンパク質の抗体を用いた免疫沈降法 (たとえば、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック) によって、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を細胞抽出物から単離する方法が挙げられる。さらに別の方法として、上記に記載のように、本発明のタンパク質を他のタンパク質との融合タンパク質として発現させ、融合タンパク質に対する抗体を用いて免疫沈降法を行ない、本発明のタンパク質に結合し得るタンパク質を単離する方法が挙げられる。

## 【0077】

診断アッセイは、上記した方法により、NF- $\kappa$ B 遺伝子中の変異を検出することにより疾患の診断や該疾患への感受性を決定するための方法を提供する。さらに、このような疾患は、個体に由来するサンプル中のタンパク質または mRNA レベルの異常な減少または増加を測定することを含む方法によって診断してもよい。発現の減少または増加は、当該技術で RNA レベルでのポリヌクレオチドの定量によく知られた方法、たとえば、PCR, RT-PCR、RNase 保護、ノーザンブロット法およびその他のハイブリダイゼーション法などの核酸増幅を使用して測定できる。宿主に由来するサンプル中のタンパク質レベルの測定に使用され得るアッセイ技術は、当業者によく知られている。そのような方法には、ラジオイムノアッセイ、競合的結合測定法、ウェスタンブロット分析および ELISA アッセイが含まれる。本発明の DNA は、本発明のタンパク質またはそのペプチドフラグメントをコードする DNA または mRNA における異常を検出するのに使用できる。本発明は、個体における上記 (1) または (2) に記載のタンパク質の発現に関連した疾患または疾患への感受性を診断する方法に関する。該方法は、タンパク質をコードするポリヌクレオチド配列における変異を、測定することを含む。

## 【0078】

本発明のDNAは、本発明のDNAを用いることによって、本発明のタンパク質またはその部分ペプチドをコードするDNAまたはmRNAの異常を検出することができるので、たとえば、該DNAまたはmRNAの損傷、突然変異あるいは発現低下や、増加あるいは発現過多などの遺伝子診断に有用である。すなわち本発明は、個体における該タンパク質の発現または活性に関連した、該個体における疾病または疾病への感受性の診断方法であって、(a) 個体のゲノムにおける請求項1または2に記載のタンパク質をコードするヌクレオチド配列中の変異の存在または不存在を決定し；

および／または

(b) 該個体に由来するサンプル中での該タンパク質の発現量を分析する、ことを含む診断方法であって、発現するタンパク質の量が正常の2倍以上あるいは1/2以下の場合に病気であると診断する方法に関する。

#### 【0079】

上記(a)により、NF- $\kappa$ Bタンパク質をコードするヌクレオチド配列に変異がある場合は、該変異がNF- $\kappa$ Bの発現または活性に関連した疾病を引き起こす可能性がある。あるいは、(b)により、被験者における前記(12)のタンパク発現量を測定し正常値を異なる値を示す場合は、NF- $\kappa$ Bを活性化する本発明の新規タンパク質の発現量異常がNF- $\kappa$ Bの発現または活性に関連した疾病の原因である可能性がある。ここで、(a)のNF- $\kappa$ Bタンパク質をコードするヌクレオチド配列の変異の有無を測定する方法としては、NF- $\kappa$ B遺伝子のヌクレオチド配列の一部をプライマーとして、RT-PCRを行い、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し、変異の有無を検出できる。あるいは、PCR-SSCP法(Genomics、5:874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック)によっても変異の有無を調べることができる。

#### 【0080】

また、(b)のタンパク発現量を調べる方法としては、たとえば、前記(16)に記載の抗体を利用する方法が挙げられる。ヌクレオチド配列を決定する方法としては、たとえば、上記(3)～(6)に記載の遺伝子のヌクレオチド配列の

一部をプライマーとしてRT-PCRを行ない、その後通常のヌクレオチド配列決定方法によって配列を決定し変異の有無を検出できる。あるいはPCR-SSCP法（Genomics, 5: 874-879、1989年、実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック）によっても変異の有無を調べることができる。

また、本発明は、本発明のタンパク質のNF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニング方法に関する。

【0081】

このスクリーニング方法は、

- (a) NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子および検出可能なシグナルを提供し得る成分を細胞に提供する工程、
  - (b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、
  - (c) 該形質転換された細胞と1あるいは複数個の被検化合物とを接触させる工程、
  - (d) 検出可能なシグナルを検出する工程および、
  - (e) 該検出可能なシグナルを正常より2倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを2分の1以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。
- を含む。

【0082】

検出可能なシグナルを提供し得る成分としては、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。レポーター遺伝子は、テストを行なう転写因子の活性化を直接検出するかわりに用いられるもので、調べたい遺伝子のプロモーターをレポーター遺伝子につなぎ、レポーター遺伝子の産物の活性を測定することによってプロモーターの転写活性の解析を行なうものである（バイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））。

【0083】

レポーター遺伝子としては、その発現産物の活性または生産量（mRNAの生産量も含まれる）を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タン

パク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールアセチルトランスフェラーゼ、 $\beta$ -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等の酵素活性を測定することで利用できる。NF- $\kappa$ Bの活性化を評価するのに用いるレポータープラスミドとしては、NF- $\kappa$ B認識配列をレポーター遺伝子の上流に組み込んだものであればよく、たとえばpNF- $\kappa$ B-Luc (STRATAGENE社)が利用できる。あるいは、Tanaka S. et. al J. Vet. Med. Sci. Vol. 59 (7)、Rothe M. et. al. Science Vol. 269 p1424-1427 (1995)に記載のNF- $\kappa$ B依存レポータープラスミドが例示される。

## 【0084】

宿主細胞としては、NF- $\kappa$ Bの活性化を検出し得る細胞であればよく、好ましくは、哺乳動物細胞であり、たとえば293EBNA細胞が好適に用いられる。形質転換及び培養に関しては、上記に記載の通りである。

NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する化合物のスクリーニングは、具体的には、たとえば、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することにより、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングすることができる。レポーター活性の測定は、当業者に公知の方法（たとえばバイオマニュアルシリーズ4、羊土社（1994））で行なうことができる。スクリーニングの被検物質には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられる。被検化合物は、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。また単一物質でも、混合物でもい。検出可能なシグナルとしては、上記レポーター遺伝子の他に、NF- $\kappa$ Bの活性化によって発現が誘導されることが知られている、たとえばIL-1やTNF- $\alpha$ の遺伝子のmRNA量あるいはタンパク量を測定しても良い。

## 【0085】

また、以下の(a)～(f)の工程により医薬組成物を製造することも可能である。

(a) NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およ

び検出可能なシグナルを与えることができる成分を細胞に提供する工程、

(b) 該遺伝子が形質転換された細胞内で発現可能となる条件下で形質転換された宿主細胞を培養する工程、

(c) 該形質転換された宿主細胞と 1 あるいは複数個の化合物とを接触させる工程、

(d) 検出可能なシグナルを測定する工程、

(e) 該検出可能なシグナルを正常より 2 倍以上に増加させる化合物を活性化剤化合物として単離または同定し、また該検出可能なシグナルを 2 分の 1 以下に減少させる化合物を阻害剤化合物として単離または同定する工程。

(f) 単離または同定された化合物を医薬組成物として最適化する工程。

【 0 0 8 6 】

mRNA 量の測定は、たとえばノーザンハイブリダイゼーションや RT-PCR 法などが挙げられる。タンパク量の測定はたとえば抗体を用いる方法が挙げられる。抗体は公知の方法によって作製しても良いし、市販のもの（たとえば和光純薬工業株式会社）を使用することもできる。

【 0 0 8 7 】

本願発明のタンパク質は、以下の工程により、該タンパク質のアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤を、構造を基礎にして設計する方法に使用してもよい。

(a) まず、タンパク質の三次元構造を決定する工程、

(b) アゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤の反応性部位または結合部位と思われる部位の三次元構造を推論する工程、

(c) 推論した結合部位または反応性部位に結合するかあるいは結合すると予測される候補化合物を合成する工程、および

(d) 該候補化合物が本当にアゴニスト、アンタゴニストまたは阻害剤であるか否かを試験する工程。

【 0 0 8 8 】

また本発明は、上記スクリーニングによって得られた化合物を含む。しかしながら、本発明のスクリーニング方法は、上記の方法に限定されるものではない。



さらに、上記（14）に記載の方法により医薬組成物を製造する方法も含む。

該候補化合物には特に制限はなく、低分子化合物、ペプチドなどが挙げられ、また、人工的に合成したものであっても、天然に存在するものであっても良い。上記スクリーニングによって得られた化合物は、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する作用を有しているので、NF- $\kappa$ Bの望ましくない活性化に起因する疾患を治療または予防するための医薬として有用である。混合物から目的化合物を単離、精製するには、自体公知の方法、例えば濾過、抽出、洗浄、乾燥、濃縮、結晶化、各種クロマトグラフィー等を適宜組み合わせで行なうことができる。化合物の塩を取得したい時は、化合物が塩の形で得られる場合にはそのまま精製すれば良く、また遊離の形で得られる場合には、通常の方法により適当な溶媒に溶解または懸濁し、所望の酸または塩基を添加し、塩を形成させて単離精製すれば良い。本発明の方法を用いて得られる化合物またはその塩を医薬組成物とする場合、常法により製剤化することができる。すなわち活性成分として有効な量の上記化合物またはその薬理的に許容される塩と、薬理的に許容される担体とを混合すれば良い。製剤化は選択された投与様式に適した形態が選ばれる。経口投与に適した組成物としては、錠剤、顆粒剤、カプセル剤、丸剤、および散剤などの固体形態、溶液剤、シロップ剤、エリキシル剤、および懸濁液剤などの液体形態が挙げられる。非経口投与に有用な形態としては、無菌溶液剤、乳剤、および懸濁液剤が挙げられる。上記の担体としては、例えばゼラチン、乳糖、グルコース等の糖類、コーン・小麦・米・とうもろこし澱粉等の澱粉類、ステアリン酸等の脂肪酸、ステアリン酸カルシウム・ステアリン酸マグネシウム等の脂肪酸塩、タルク、植物油、ステアリンアルコール・ベンジルアルコール等のアルコール、ガム、ポリアルキレングリコール等が挙げられる。これらのうち液状担体の例としては、一般に水、生理食塩水、デキストロースまたは類似の糖溶液、エチレングリコール、プロピレングリコール、ポリエチレングリコール等のグリコール類が挙げられる。

#### 【0089】

本発明は、NF- $\kappa$ Bの活性化阻害剤または活性化剤としての活性について化合物をスクリーニングするためのキットである。該キットは、（a）NF- $\kappa$ B

を活性化する作用を有するタンパク質をコードする遺伝子およびNF- $\kappa$ Bの活性化後、検出可能なシグナルを提供する成分を含有する細胞、(b) 該検出可能なシグナルを測定するための試薬、から成り、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害または作動する化合物をスクリーニングするために必要な試薬類を含むキットを提供する。

【0090】

別の側面において、本発明は、

(a) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150等の本発明のポリヌクレオチド；

(b) (a) のヌクレオチド配列に相補的なヌクレオチド配列；

(c) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149等の本発明のタンパク質またはそれらの断片；または

(d) (c) のタンパク質などの本発明のタンパク質に対する抗体；  
を含む診断キットに関する。

【0091】

このようなキットにおいて、(a)、(b)、(c)または(d)は、実質的な成分を成してもよい。そのようなキットは、炎症、自己免疫疾患、感染性疾患

(たとえばHIV感染) および癌などの疾患または該疾患への感受性を診断するのに有用である。

#### 【0092】

NF- $\kappa$ Bは、炎症、自己免疫疾患、ガン及びウイルス感染などの多種の病理学的状態におけるその関与のため、薬物デザイン及び治療介入のための魅力的な標的である。多数の実験が、NF- $\kappa$ B活性の阻害が深い生理学的作用を有し得ることを示している(たとえば、Ann. Rheum. Dis. 57, 738-741 (1998), American Journal of Pathology 152, 793-803 (1998), ARTHRITIS & RHEUMATISM 40, 226-236 (1997), Am. J. Respir. Crit. Care Med. 158, 1585-1592 (1998), J. Exp. Med. 188 1739-1750 (1998), Gut 42, 477-484 (1998), The Journal of Immunology 161, 4572-4582 (1998), Nature Medicine 3, 894-899 (1997))。本明細書中に報告するNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有する新規タンパク質の発見により、異常なNF- $\kappa$ B機能を阻害する新しい方法が提供された。さらなる具体例において、本発明は、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害するための前記のNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質の機能を阻害する化合物を用いる方法に関する。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害する化合物は、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症(1例としてHIV感染症)、ガンなどの、NF- $\kappa$ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。更に、NF- $\kappa$ Bの活性化が細胞のアポトーシスを阻害することが、最近明らかになりつつある。上記スクリーニング方法によって得られた、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害する化合物は、アポトーシスを促進する機能を持つ可能性も考えられる。アポトーシスの誘導が治療につながる疾患としては、腫瘍が挙げられる。

#### 【0093】

逆に、アポトーシスの抑制が治療につながる疾患としてはGVHD、Toxic epidermal necrolysis (TEN)などの皮膚疾患、増殖性腎炎(IgA腎炎、紫斑病性腎炎、ループス腎炎)、劇症肝炎などが挙げられる。よって、上記スクリーニング方法によって得られた、NF- $\kappa$ Bの活性化を作動する化合物はこれらの疾患の治療または予防のための医薬として有用であ

る。

【 0 0 9 4 】

更に、本発明のタンパク質をコードする遺伝子は、癌、自己免疫疾患、アレルギー性疾患、および炎症性応答を初めとする様々な疾患の治療を目的とした遺伝子治療にも有用である。遺伝子治療とは、疾病の治療を目的として、遺伝子または遺伝子を導入した細胞をヒトの体内に投与することを意味する。本発明のタンパク質や該タンパク質をコードする蛋白質やDNAは、診断目的にも使用できる。

【 0 0 9 5 】

本発明のスクリーニング方法を用いて得られる化合物またはその塩を上述の医薬組成物として使用する場合、常套手段に従って実施することができる。たとえば、錠剤、カプセル剤、エリキシル剤、マイクロカプセル剤、無菌性溶液、懸濁液剤などとしてすることができる。このようにして得られる製剤は安全で低毒性であるので、たとえば、ヒトや哺乳動物（たとえば、ラット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。患者への投与は、たとえば、動脈内注射、静脈内注射、皮下注射など当業者に公知の方法により行いうる。投与量は、患者の体重や年齢、投与方法などにより変動するが、当業者であれば適当な投与量を適宜選択することが可能である。また、該化合物がDNAによりコードされうるものであれば、該DNAを遺伝子治療用ベクターに組み込み、遺伝子治療を行うことも考えられる。投与量、投与方法は、患者の体重や年齢、症状などにより変動するが、当業者であれば適宜選択することが可能である。すなわち本発明は、上記化合物を有効成分として含有する医薬に関する。

【 0 0 9 6 】

さらに、上記化合物は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、感染症、ガンなどの、NF- $\kappa$ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患の治療または予防する医薬として有用である。すなわち本発明は、上記化合物を含む炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬に関する。具体的には、例えば、慢性関節リウマチ、変形性関節症、全身性エリテマトーデス、糖尿病、敗血症、喘息、アレルギー性鼻炎、虚血性心疾患、炎症性腸疾患、くも膜下出血、ウイルス肝炎、エイズ、などに対する治療及び予防薬として有用である。

## 【 0 0 9 7 】

さらにまた、本発明は、炎症、自己免疫疾患、ウイルス性疾患、ガンなどの医薬の製造における上記（14）記載の方法により製造された医薬組成物の使用も含む。また本発明は、上記（3）～（6）に記載の遺伝子に対するアンチセンスオリゴヌクレオチドである。アンチセンスオリゴヌクレオチドは、標的とした遺伝子配列に対して相補的な配列を持つオリゴヌクレオチドを用いて、タンパク質への翻訳、細胞質への輸送、あるいは全体的な生物活性機能に必要な他の活性等のRNAの機能を阻害することによって、標的遺伝子の発現を抑制することができる。この際、アンチセンスオリゴヌクレオチドとしては、RNAを用いても良いし、DNAを用いても良い。本発明のDNA配列は、本発明のタンパク質をコードする遺伝子から転写されたmRNAとハイブリダイズし得るアンチセンスオリゴヌクレオチドを作製するために使用できる。一般にアンチセンスオリゴヌクレオチドが、その遺伝子の発現に対して抑制的に作用することは公知での事実である（たとえば、細胞工学 Vol. 13 No. 4（1994））。本発明のタンパク質をコードする遺伝子に対するアンチセンスコード配列を有するオリゴヌクレオチドは、標準の方法で細胞内に導入することができ、該オリゴヌクレオチドは、本発明のタンパク質をコードする遺伝子のmRNAの翻訳を効果的に遮断して、その発現を遮断して、望ましくない作用が阻害される。

## 【 0 0 9 8 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、天然に見出されるオリゴヌクレオチドの他に、修飾されたものであっても良い〔たとえば、村上&牧野：細胞工学 Vol. 13 No. 4 p 259-266（1994）、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol. 40 No. 10 p 1364-1370（1995）、竹内恒成ら：実験医学 Vol. 14 No. 4 p 85-95（1996）〕。従って、オリゴヌクレオチドは変化した糖部分あるいは糖間部分を有していても良い。これらの例は、当該技術分野において使用が知られているホスホチオエート及び他のイオウ含有種である。幾つかの好ましい態様に従えば、オリゴヌクレオチドの少なくとも一つのホスホジエステル結合が、その活性が調節されるべきRNAが位置する細胞の領域に浸透する組成物の能力を高める機能を有する構造により置換され

る。

# 【 0 0 9 9 】

このような置換は、ホスホロチオエート結合、ホスホロアミデート結合、メチルホスホネート結合または短鎖アルキルもしくはシクロアルキル構造を含むことが好ましい。オリゴヌクレオチドはまた、少なくとも幾つかの修飾されたヌクレオチド型を含んでいても良い。従って、天然に通常見いだされるもの以外のプリン及びピリミジンを使用しても良い。同様に本発明の本質的な意図が実行される限り、ヌクレオチドサブユニットのフラノシル部分を修飾することもできる。このような修飾の例は、2'-O-アルキル、及び2'-ハロゲン置換ヌクレオチドである。本発明において有用な幾つかの糖部分の2'位の修飾の例は、OH、SH、SCH<sub>3</sub>、OCH<sub>3</sub>、OCN、またはO(CH<sub>2</sub>)<sub>n</sub>CH<sub>3</sub>（ここでnは1から約10である）、及び同様の特性を有する他の置換基である。全てのこのような類似体は、本発明の遺伝子のmRNAとハイブリダイズしてそのRNAの機能を阻害する機能を果たす限り、本発明に包含される。

# 【 0 1 0 0 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、約3から約50ヌクレオチドを含み、約8から約25ヌクレオチドを含むことが好ましく、約12から約20ヌクレオチドを含むことがさらに好ましい。本発明のオリゴヌクレオチドは、周知の方法である固相合成法により作製することができる。このような合成のための装置は、Applied Biosystemsを含む幾つかの業者により販売されている。ホスホチオエート等の他のオリゴヌクレオチドの製造も当業者に公知の方法で作製できる。

# 【 0 1 0 1 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、本発明の遺伝子から転写されるmRNAとハイブリダイズできるように設計される。与えられた遺伝子の配列に基づいてアンチセンスオリゴヌクレオチドを設計する方法は、当業者であれば容易である〔たとえば、村上および牧野：細胞工学 Vol.13 No.4 p259-266 (1994)、村上章：蛋白質核酸酵素 Vol.40 No.10 p1364-1370 (1995)、竹内恒成ら：実験医学 Vol.14 No.4

## 【 0 1 0 2 】

p 8 5 - 9 5 ( 1 9 9 6 ) ] 。 最近の研究は、mRNAの5' 領域、好ましくは翻訳開始部位を含む領域に設計されたアンチセンスオリゴヌクレオチドが、遺伝子の発現の阻害に最も効果的であることを示唆している。アンチセンスオリゴヌクレオチドの長さは、15から30ヌクレオチドが好ましく、20から25ヌクレオチドがより好ましい。ホモロジー検索で他のmRNAとの相互作用がないこと、オリゴヌクレオチド配列内で二次構造を取らないことを確認しておくことは重要である。設計したアンチセンス分子が機能したかどうかの評価は、適当な細胞を用いて、該細胞にアンチセンスオリゴヌクレオチドを導入し、当業者には公知の方法で、対象mRNAの量（たとえば、ノーザンブロットまたはRT-PCR法）、あるいは対象タンパク質の量（たとえば、ウエスタンブロットまたは蛍光抗体法）を測定することにより、発現抑制の効果を確認できる。

## 【 0 1 0 3 】

一方、三重らせん形成（トリプル・ヘリックス技術）は、核内のDNAを標的とした、主に転写の段階での遺伝子発現制御方法である。オリゴヌクレオチドは、主に転写に関与する遺伝子領域に設計され、それにより、転写及び本発明のタンパク質の産生を抑える。これらのRNA、DNA、オリゴヌクレオチドは、公知の合成装置などを用いて製造することができる。

## 【 0 1 0 4 】

本発明のオリゴヌクレオチドは、標的核酸配列を含む細胞に、たとえばリン酸カルシウム法、リポフェクション法、エレクトロポレーション法、マイクロインジェクション法などのDNAトランスフェクション法、またはウイルスなどの遺伝子導入ベクターの使用を含む遺伝子導入法のいずれを用いて導入してもよい。適切なレトロウイルスベクターを用いてアンチセンスオリゴヌクレオチド発現ベクターを作製し、その後、該発現ベクターを細胞と*in vivo*または*ex vivo*で接触させることにより、標的核酸配列を含む細胞に導入できる。

## 【 0 1 0 5 】

本発明のDNAは、アンチセンスRNA/DNA技術またはトリプル・ヘリックス技術を用いて、本発明のタンパクを介するNF- $\kappa$ Bの活性化を阻害するの

に使用できる。

【 0 1 0 6 】

本発明のタンパク質をコードする遺伝子のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、たとえば炎症、自己免疫疾患、感染症（たとえば、H I V感染症）、ガンなどの、NF- $\kappa$ Bの望ましくない活性化によって特徴つけられる疾患を治療または予防する医薬として有用である。すなわち、本発明は、上記アンチセンスオリゴヌクレオチドを有効成分として含有する医薬である。また、本発明のアンチセンスオリゴヌクレオチドは、ノーザンハイブリダイゼーション法またはPCR法を用いてそれらの疾病の検出に利用することもできる。

【 0 1 0 7 】

本発明は、NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害するリボザイムである。リボザイムは、核酸のヌクレオチド配列を認識して、核酸を切断する活性を持つRNAである（たとえば、柳川弘志 実験医学バイオサイエンス12、RNAのニューエイジ）。リボザイムは、選択された標的RNA、たとえば本発明のタンパク質をコードするmRNAを開裂するように製造することができる。本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列を基に、本発明のタンパク質のmRNAを特異的に切断するリボザイムを設計することができ、かようなリボザイムは本発明のタンパク質のmRNAに対して相補的な配列を有し、該mRNAと相補的結合し、ついで該mRNAが開裂され本発明のタンパク質の発現が減少し（または完全に発現せず）、発現減少のレベルは標的細胞内でのリボザイム発現のレベルに依存している。

【 0 1 0 8 】

よく用いられるリボザイムには、ハンマーヘッド型とヘアピン型の2種類があり、特にハンマーヘッド型リボザイムは切断活性に必要な一次構造や二次構造がよく調べられており、当業者であれば、本発明のタンパク質をコードするDNAのヌクレオチド配列情報のみで容易にリボザイムの設計が可能である〔たとえば、飯田ら：細胞工学Vol.16 No.3,p438-445 (1997)、大川&平比良：実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕。ハンマーヘッドリボザイムは、標的RNAと相補鎖を形成する2ヶ所の認識部位（認識部位Iと認識部位II）と活性部位からなる



構造をなし、標的RNAと認識部位で相補対を形成した後、標的RNAのNUXの配列(N:AまたはGまたはCまたはU、X:AまたはCまたはU)の3'末端側で切断することが知られており、特にGUC(あるいはGUA)が一番高い活性を持つことが知られている〔たとえばKoizumi,Mら:Nucl. Acids Res.17,7059-7071(1989)、飯田ら:細胞工学Vol.16 No.3,p438-445 (1997)、大川&平比良:実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)、川崎&多比良:実験医学 Vol.18 No.3 p381-386 (2000)]。

## 【 0 1 0 9 】

そこでまず、本発明のDNA配列の中からGTC(またはGTA)の配列を探し出し、その前後で数ヌクレオチドから十数ヌクレオチドの相補対をつくることができるようにリボザイムを設計する。設計したリボザイムの適切性の評価は、たとえば、大川&平比良の文献〔実験医学Vol.12 No.12 p83-88(1994)〕に記載の方法によって、作製したリボザイムが、インビトロで標的mRNAを切断できるかどうかを調べることで評価できる。リボザイムの調製は、RNA分子を合成するための当分野で周知の方法により調製する。

## 【 0 1 1 0 】

別法としては、リボザイムの配列をDNA合成機で合成し、たとえばT7或いはSP6のような適切なRNAポリメラーゼプロモータを有する多種のベクターに組み込み、インビトロで酵素的にRNAを合成させる方法が挙げられる。これらのリボザイムは、たとえばマイクロインジェクション法などの遺伝子導入方法によって細胞内に導入できる。あるいは別の方法として、リボザイムDNAを適当な発現ベクターに組み込んで、株細胞、細胞或いは組織内に導入する。選択された細胞中にリボザイムを導入するのに、適切なベクターを使用することができ、たとえばプラスミドベクター、動物ウイルス(たとえばレトロウイルス、アデノウイルス、ヘルペスあるいはワクシニアウイルス)ベクターがこれらの目的に通常用いられるこれらのリボザイムは、本発明のタンパク質で仲介されるNF- $\kappa$ Bの活性化を阻害する作用を有する。

## 【 0 1 1 1 】

本発明は、機能を有する新規遺伝子の取得方法であり、オリゴキャッピング法

を用いて完全長 cDNA ライブラリーを作製する方法および該機能を有するタンパク質の存在を示すシグナル因子を用いる方法からなる取得方法に関する。シグナル因子には、たとえばレポーター遺伝子が挙げられる。

## 【 0 1 1 2 】

機能を有する遺伝子 (cDNA) を多数取得するためには、不完全長のものが多い cDNA ライブラリーを用いると効率が悪い。したがって、全体のクローンの中で、完全長のものの割合が高いライブラリーが必要となる。完全長 cDNA は遺伝子から出来る mRNA の完全なコピーのことである。オリゴキャッピング法で作製した cDNA ライブラリーは、完全長 cDNA の割合が 50 ~ 80 % であり、従来の方で作製された cDNA ライブラリーと比べて、5 ~ 10 倍の完全長 cDNA クローンの濃縮になっている (菅野純夫 : 月刊 BIO INDUSTRY Vol .16 No.11 p19-26) 。完全長 cDNA は、遺伝子の機能解析においては、タンパク質発現のために必須なクローンであり、完全長 cDNA のクローンそのものが活性測定のための材料として極めて重要なものであるため、遺伝子の機能解析を試みるに際して、完全長 cDNA のクローニングは必須の要件である。さらにその配列を決定することで、それがコードするタンパク質の一次配列を確定するための重要な情報となると同時に、遺伝子の全エクソンの配列も分かる。すなわち、完全長 cDNA は、遺伝子を同定する上で貴重な情報、たとえばタンパク質の一次配列、エクソン-イントロン構造、mRNA の転写開始点、プロモーターの位置などを決めるための情報をも与える。

## 【 0 1 1 3 】

オリゴキャッピング法による完全長 cDNA ライブラリー作製は、たとえば実験医学別冊新遺伝子工学ハンドブック改訂第 3 版 (1999 年) に記載の方法に従い行うことができる。機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子は、転写因子等のタンパク質因子が結合できる適切な発現制御配列部分 (1 つまたは複数) と、その転写因子等による活性化を測定できる構造遺伝子部分からなる。構造遺伝子部分は、その発現産物の活性または生産量 (mRNA の生産量も含まれる) を当業者が測定可能なものであれば、いかなるペプチド、タンパク質をコードする遺伝子も用いることができる。たとえば、クロラムフェニコールア

セチルトランスフェラーゼ、 $\beta$ -ガラクトシダーゼ、ルシフェラーゼ等を用いることができ、その酵素活性を測定することで利用できる。

## 【 0 1 1 4 】

本発明において、オリゴキャッピング法とは、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版に記載のように、BAP, TAP, RNAリガーゼにより、キャップ構造を合成オリゴに置換する方法である。

本発明の方法は、イン ビトロ (i n v i t r o) の系、あるいは細胞を用いて (c e l l - b a s e d) の系のどちらの方法でも良く、好ましくは細胞を用いた系である。細胞は、原核大腸菌をはじめとする原核生物、酵母、真菌等の微生物、及び昆虫や動物等の細胞のいずれでも良く、好ましくは動物細胞であり、293EBNA細胞、NIH3T3細胞が例示できる。

## 【 0 1 1 5 】

機能を有するタンパク質の存在を示すレポーター遺伝子としては、本願明細書に示したNF- $\kappa$ Bのレポーター遺伝子の他に、たとえばCREB (cAMP responsive element binding protein) 結合配列あるいはAP-1 (activator protein-1) 結合配列をレポーター遺伝子の発現制御配列部分に有するレポーター遺伝子が挙げられる。たとえば、CREBを活性化する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が上昇したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。また、CREBを抑制する機能を有する遺伝子を取得したい場合は、CREB依存レポータープラスミドとオリゴキャッピング法で作製した完全長cDNAクローンを細胞に共導入し、その中からレポーター活性が減少したプラスミドを選ぶことによって、該目的を達成することができる。この場合、細胞に何らかの刺激を加えた状態で行なっても良い。cDNAクローンの細胞への導入は、1クローンでも良いし、複数のクローンを同時に導入しても良い。本発明の該方法の一例は、本願明細書実施例に詳細に記述してある。あるいは、完全長cDNAとレポーター遺伝子を細胞に導入した後、細胞をIL-1あるいはTNF- $\alpha$ などで刺激し、レポーター活性の上昇の弱いクローンを選ぶことによって、NF- $\kappa$ Bの活性化

を抑制する機能を有する遺伝子を取得するためのスクリーニング系を構築することもできる。

【 0 1 1 6 】

しかしながら、本発明の該方法は、この方法に限定されるものではない。また、本発明の cDNA は、完全長 cDNA であるため、その 5' 末端の配列が mRNA の転写開始点であり、該 cDNA 配列をゲノムのヌクレオチド配列と比較することにより、該遺伝子のプロモーター領域を同定することに利用できる。ゲノムのヌクレオチド配列は、データベースに公知の配列として登録されている場合はその配列を利用できる。あるいは、該 cDNA を用いてたとえばハイブリダイゼーションによってゲノムライブラリーからクローニングし、ヌクレオチド配列を決めることもできる。このようにして、本発明の cDNA のヌクレオチド配列をゲノムの配列と比較することによって、その上流に存在する該遺伝子のプロモーター領域を同定することが可能である。さらに、このようにして同定した該遺伝子のプロモーター断片を用いて該遺伝子の発現を調べるレポータープラスミドを作製することができる。レポータープラスミドは、大方の場合、転写開始点からその上流 2 kb、好ましくは転写開始点からその上流 1 kb の DNA 断片をレポーター遺伝子上流に組み込むことによって作製できる。さらに該レポータープラスミドは、該遺伝子の発現を増強あるいは減弱させる化合物のスクリーニングに利用できる。具体的には例えば、該レポータープラスミドで適当な細胞を形質転換し、一定時間培養した形質転換細胞に、被験物質を任意の量添加し、一定時間後の該細胞が発現するレポーター活性を測定し、被験物質を添加しない細胞のレポーター活性と比較することによりスクリーニングすることができる。これらも本発明に含まれる。

【 0 1 1 7 】

また本発明は、配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、1

12, 114, 116, 118, 120, 122, 124, 126, 128, 130, 132, 134, 136, 138, 140, 142, 144, 146, 148または150で表されるヌクレオチド配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットおよび／または配列番号1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 131, 133, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147および149で表されるアミノ酸配列のうち少なくとも1以上を含むデータセットを保存したコンピュータ読み込み可能媒体に関する。

## 【0118】

さらに本発明は、上記に記載の媒体上のデータと他のヌクレオチド配列のデータを比較して相同性の算出を行う方法に関する。すなわち、本発明の遺伝子およびアミノ酸配列は、その2次元および3次元構造を決定し、たとえば同様の機能を有する相同性の高いさらなる配列を同定するための貴重な情報源となる。これらの配列をコンピュータ読み込み可能媒体に保存し、ついで既知の高分子構造プログラムにおいて保存したデータを用いて、GCGのような既知検索ツールを用いてデータベースを検索すれば、データベース中の、ある相同性を有する配列を見出すことは容易である。

## 【0119】

コンピュータ読み取り可能媒体は情報またはデータを保存するのに用いる物体のいずれの組成物であってもよく、たとえば、市販フロッピーディスク、テープ、チップ、ハードドライブ、コンパクトディスク、およびビデオディスク等がある。また、本媒体上のデータは、他のヌクレオチド配列のデータと比較して相同性の算出を行なう方法を可能にする。この方法には、本発明ポリヌクレオチド配列を含む第一のポリヌクレオチド配列をコンピュータ読み込み可能媒体中に提供し、次いで、該第一のポリヌクレオチド配列を少なくとも一つの第二のポリヌ

クレオチドまたはポリペプチド配列と比較して相同性を同定する工程を含む。

【0120】

本発明はまた、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148および150から選択されるヌクレオチド配列の全てまたは一部を含むポリヌクレオチドが固定されている不溶性基質に関する。DNAプローブである複数の各種ポリヌクレオチドがスライドガラス等の特別に加工された基質上に固定され、次いで標識された標的ポリヌクレオチドを、固定化されたポリヌクレオチドとハイブリダイズさせ、それぞれのプローブからのシグナルを検出する。得られるデータは、解析され、遺伝子発現が測定される。

【0121】

本発明はさらにまた、配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147または149で表されるアミノ酸配列から選択されるアミノ酸配列の全てまたは一部を含むポリペプチドが固定されている不溶性基質に関する。診断あるいは新薬開発のために、チップ表面に固定化されたタンパク質は、捕獲されて、単離あるいは同定される。

【0122】

【実施例】

以下に、実施例を挙げて本発明を詳しく説明するが、本発明は、これらの例に何ら限定されるものではない。

(実施例1) オリゴキャッピング法を用いた完全長cDNAライブラリーの作製

(1) ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF) からのRNA調整

ヒト肺線維芽細胞 (Cryo NHLF: 三光純薬株式会社より購入) を、添付のプロトコールに従って培養した。10cmシャーレ50枚まで継代培養した後、セルスクレーパーで細胞を回収した。次いで、回収した細胞からRNA抽出用試薬ISOGEN (ニッポンジーンより購入) を用いて全RNAを取得した。取得の具体的方法は、試薬のプロトコールに従った。次いで、オリゴ-dT セルロース カラムを用いて、全RNAからポリA<sup>+</sup> RNAを取得した。ポリA<sup>+</sup> RNA取得の具体的方法は、上記Maniatisの実験書に従った。

【0123】

(2) オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製

上記ポリA<sup>+</sup> RNAから、オリゴキャッピング法により完全長cDNAライブラリーを作製した。オリゴキャッピング法による完全長cDNAライブラリー作製の具体的方法は、菅野らの方法 [たとえば、Maruyama, K. & Sugano, S. Gene, 138: 171-174 (1994)、Suzuki, Y. et al. Gene, 200: 149-156 (1997)、鈴木・菅野 実験医学別冊 遺伝子工学ハンドブック改訂第3版] に従って作製した。

【0124】

(3) プラスミドDNAの調整

上記実施例で作製した完全長cDNAライブラリーを、エレクトロポレーション法によって大腸菌TOP10株に形質転換した後、100μg/mlアンピシリンを含有するLB寒天培地に塗布し、37℃で一晩インキュベートした。続いて、アンピシリン含有LB寒天培地上で生育した大腸菌のコロニーから、QIAGEN社のQIAwell 96 Ultra Plasmid Kitを用いてプラスミドを回収した。具体的方法は、QIAwell 96 Ultra Plasmid Kitに添付のプロトコールに従った。

## 【0125】

(実施例2) NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するDNAのクローニング

(1) NF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有するタンパク質をコードするcDNAのスクリーニング

293-EBNA細胞(Invitrogen社より購入)を細胞培養用96穴プレートに $1 \times 10^4$  Cells/wellとなるように、5%FBS存在下のDMEM培地を用い、24時間37℃で培養した(5%CO<sub>2</sub>存在下)。次いで、FuGENE6(Roche社より購入)を用いて、pNF $\kappa$ B-Luc(STRATAGENE社より購入)50ngと、上記実施例1.(3)で調整した完全長cDNA2 $\mu$ lを1ウェルに共導入した。導入の方法は添付のプロトコールに従った。24時間37℃で培養後、ロングタームルシフェラーゼアッセイシステム、ピッカジーンLT2.0(東洋インキ社)を用いて添付されている説明書に従い、NF- $\kappa$ Bのレポーター活性(ルシフェラーゼ活性)を測定した。なおルシフェラーゼ活性は、Perkin Elmer社のWallac ARVO<sup>TM</sup>ST 1420 MULTILABEL COUNTERを用いて行った。

## 【0126】

(2) ヌクレオチド配列の決定

上記スクリーニングを115,000クローン行い、ルシフェラーゼ活性が対照実験(完全長cDNAの代わりに、空ベクターpME18S-FL3を導入した細胞のルシフェラーゼ活性)と比べて10倍以上上昇しているプラスミドを選抜し、まず、クローニングされているcDNAの5'側(シークエンスプライマー: 5'-CTTCTGCTCTAAAAGCTGCG-3'(配列番号151))と3'側(シークエンスプライマー: 5'-CGACCTGCAGCTCGAGCACA-3'(配列番号152))からそれぞれone-passシークエンスを行ない、できる限り長く決定した。なお、ヌクレオチド配列決定のための試薬や方法は、Thermo Sequenase II Dye Terminator Cycle Sequencing Kit(アマシャム ファルマシア社)、あるいはBigDye Terminator Cycle Se



quencing FS Ready Reaction Kit (アプライド バイオシステムズ社) を用い、ABI PRISM 377シーケンサー、あるいは、ABI PRISM 3100シーケンサーを用い、各々キットに添付されている説明書に従って行なった。

【0127】

(3) 得られたクローンのデータベース解析

得られたヌクレオチド配列について、Genbankに対するBLAST (Basic local alignment search tool) [S. F. Altschul et al., J. Mol. Biol., 215: 403-410 (1990)] 検索を行なった。その結果、75クローンがNF- $\kappa$ Bを活性化する作用を有する新規のタンパク質をコードする45種類の遺伝子であった。

【0128】

(4) 全長シーケンス

45種類の新規のクローンについて全長ヌクレオチド配列(配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108、110、112、114、116、118、120、122、124、126、128、130、132、134、136、138、140、142、144、146、148または150)を決定し、タンパク質をコードする部分(オープンリーディングフレーム)のアミノ酸配列(配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107、109、111、113、115、117、119、121、123、125、127、129、131、133、135、137、139、141、143、145、147および149)を予

想した。

【0129】

(実施例3) NF- $\kappa$ Bの活性化を阻害する化合物のスクリーニング

293-EBNA細胞を細胞培養用96wellプレートに、 $1 \times 10^4$  Cells/ $100 \mu$ l/wellの細胞数になるように、5%FBS存在下のDMEM培地にまき、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で24時間培養した。次いで、FUGENE6を用いて、上記実施例2で得た、配列番号81のNF- $\kappa$ Bを活性化作用を有するタンパク質をコードする遺伝子を含むプラスミド10ngと、レポータープラスミドpNF $\kappa$ B-Luc50ngを1wellに共導入した。1時間後、プロテアソーム阻害剤であることが知られているMG132 (CALBIOCHEMより購入) (Uehara T. et. al. J. Biol. Chem. 274 p15875-15882 (1999)、Wang X C. et al. Invest. Ophthalmol. Vis. Sci. 40 p477-486)を終濃度10 $\mu$ Mになるように培養液中に加えた。37℃で24時間培養後、ピッカジンLT2.0を用いてレポーター活性を測定した。その結果、MG132はレポーター遺伝子の発現を抑制した(図1)。

【0130】

【発明の効果】

本発明により、産業上有用性の高いNF- $\kappa$ Bを活性化作用を有するタンパク質やそれらの遺伝子が提供された。本発明のタンパク質やそれらの遺伝子により、NF- $\kappa$ Bの過剰な活性化、又は阻害が関与する疾患の治療や予防に有用な化合物のスクリーニング、さらにそのような疾患の診断薬を作製することが可能である。更に本発明の遺伝子は、遺伝子治療に用いられる遺伝子ソースとしても有用である。

【0131】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> ASAHI KASEI KABUSHIKI KAISHA

<120> Novel Gene

<130> X13-213

<160> 152

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 167

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val

1

5

10

15

Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr

20

25

30

Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser

35

40

45

Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln

50

55

60

Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly

65

70

75

80

Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly

85

90

95

Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr

100

105

110

Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro

115

120

125

Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser

130

135

140

Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly

145

150

155

160

Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg

165

<210> 2

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (194)..(694)

<400> 2

```

aaaaactgtg gtgagctgtg aaggctatga gtcctctgaa gaccagtatg tactaagagg 60

ttcttgtggc ttggagtata atttagatta tacagaactt ggctgcaga aactgaagga 120

gtctggaaag cagcacggct ttgcctcttt ctctgattat tattataagt ggtcctcggc 180

ggattcctgt aac atg agt gga ttg att acc atc gtg gta ctc ctt ggg      229
      Met Ser Gly Leu Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly
            1             5             10

atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc ctg agt gac ggg cag tat tct      277
Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser
            15             20             25

cct cca ccg tac tct gag tat cct cca ttt tcc cac cgt tac cag aga      325
Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg
            30             35             40

ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc cca ggc ttt aag tct gag ttc      373
Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe
            45             50             55             60

aca gga cca cag aat act ggc cat ggt gca act tct ggt ttt ggc agt      421
Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser
            65             70             75

gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa aat tca gga cca ggg ttc tgg      469

```

Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp  
80 85 90

aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta gga tat ttg ttt ggc agc aat 517  
Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn  
95 100 105

aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg tgg tac tac ccg tcc tat cct 565  
Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro  
110 115 120

ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg gct tac tca ccc ctt cat gga 613  
Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly  
125 130 135 140

ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca aac tca gac acg aaa acc aga 661  
Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg  
145 150 155

act gca tca gga tat ggt ggt acc agg aga cga taaagtagaa agttggagtc 714  
Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg Arg Arg  
160 165

aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt catcactttc tctttagaaa aaaagtacta 774

cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc aaaagttcgg tgggtgtatg tccagtgtag 834

ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg 894

tatgtcagtg taacatgcag atgtatattg cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa 954  
 tgctaaaaat acattaattt ctaaaacctg tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg 1014  
 tgttgtaacta atagaaacta agtacagaaa atttcagttt taggtgggtg tagctgatga 1074  
 gttattacct catagagact gtaatatctt atttggtatt atattatttg atgtttgctg 1134  
 ttcttcaaac atttaaatca agctttggac taattatgct aatttgtgag ttctgatcac 1194  
 ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag tggatggagat ggccttctgg taactgaata 1254  
 ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa gcatctagaa ggttggttg aatgactctg 1314  
 tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat ttctttcggt cataagaggt aaaggtcaaa 1374  
 tttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaatat 1434  
 tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa gaatcaat 1472

<210> 3

<211> 339

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 3

Met Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu

1

5

10

15

Gly Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn

20

25

30

Asp Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His

35

40

45

Tyr Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu

50

55

60

Lys Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val

65

70

75

80

Ile Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu

85

90

95

Cys Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val

100

105

110

Ser Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly

115

120

125

Ser Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln

130

135

140

Lys Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp

145

150

155

160

Tyr Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu



165

170

175

Ile Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu

180

185

190

Phe Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro

195

200

205

Pro Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro

210

215

220

Pro Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His

225

230

235

240

Gly Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr

245

250

255

Glu Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile

260

265

270

Leu Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp

275

280

285

Ser Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn

290

295

300

Arg Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys

305

310

315

320

Ser Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr  
 325 330 335

Arg Arg Arg

<210> 4

<211> 1924

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (115)..(1131)

<400> 4

gttccttcgc cgccgccagg ggtagcggtg tagctgcgca gcgtcgcgcg cgctaccgca 60

cccaggttcg gcccgtaggc gtctggcagc ccggcgccat cttcatcgag cgcc atg 117

Met

1

gcc gca gcc tgc ggg ccg gga gcg gcc ggg tac tgc ttg ctc ctc ggc 165

Ala Ala Ala Cys Gly Pro Gly Ala Ala Gly Tyr Cys Leu Leu Leu Gly

5

10

15

ttg cat ttg ttt ctg ctg acc gcg ggc cct gcc ctg ggc tgg aac gac 213

Leu His Leu Phe Leu Leu Thr Ala Gly Pro Ala Leu Gly Trp Asn Asp

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 20  | 25  | 30  |     |
| cct gac aga atg ttg ctg cgg gat gta aaa gct ctt acc ctc cac tat |     |     | 261 |
| Pro Asp Arg Met Leu Leu Arg Asp Val Lys Ala Leu Thr Leu His Tyr |     |     |     |
| 35  | 40  | 45  |     |
|   |     |     |     |
| gac cgc tat acc acc tcc cgc agg ctg gat ccc atc cca cag ttg aaa |     |     | 309 |
| Asp Arg Tyr Thr Thr Ser Arg Arg Leu Asp Pro Ile Pro Gln Leu Lys |     |     |     |
| 50  | 55  | 60  | 65  |
|   |     |     |     |
| tgt gtt gga ggc aca gct ggt tgt gat tct tat acc cca aaa gtc ata |     |     | 357 |
| Cys Val Gly Gly Thr Ala Gly Cys Asp Ser Tyr Thr Pro Lys Val Ile |     |     |     |
| 70  | 75  | 80  |     |
|   |     |     |     |
| cag tgt cag aac aaa ggc tgg gat ggg tat gat gta cag tgg gaa tgt |     |     | 405 |
| Gln Cys Gln Asn Lys Gly Trp Asp Gly Tyr Asp Val Gln Trp Glu Cys |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
|   |     |     |     |
| aag acg gac tta gat att gca tac aaa ttt gga aaa act gtg gtg agc |     |     | 453 |
| Lys Thr Asp Leu Asp Ile Ala Tyr Lys Phe Gly Lys Thr Val Val Ser |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 |     |
|   |     |     |     |
| tgt gaa ggc tat gag tcc tct gaa gac cag tat gta cta aga ggt tct |     |     | 501 |
| Cys Glu Gly Tyr Glu Ser Ser Glu Asp Gln Tyr Val Leu Arg Gly Ser |     |     |     |
| 115   | 120 | 125 |     |
|   |     |     |     |
| tgt ggc ttg gag tat aat tta gat tat aca gaa ctt ggc ctg cag aaa |     |     | 549 |
| Cys Gly Leu Glu Tyr Asn Leu Asp Tyr Thr Glu Leu Gly Leu Gln Lys |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 | 145 |

ctg aag gag tct gga aag cag cac ggc ttt gcc tct ttc tct gat tat 597

Leu Lys Glu Ser Gly Lys Gln His Gly Phe Ala Ser Phe Ser Asp Tyr

150

155

160

tat tat aag tgg tcc tcg gcg gat tcc tgt aac atg agt gga ttg att 645

Tyr Tyr Lys Trp Ser Ser Ala Asp Ser Cys Asn Met Ser Gly Leu Ile

165

170

175

acc atc gtg gta ctc ctt ggg atc gcc ttt gta gtc tat aag ctg ttc 693

Thr Ile Val Val Leu Leu Gly Ile Ala Phe Val Val Tyr Lys Leu Phe

180

185

190

ctg agt gac ggg cag tat tct cct cca ccg tac tct gag tat cct cca 741

Leu Ser Asp Gly Gln Tyr Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Glu Tyr Pro Pro

195

200

205

ttt tcc cac cgt tac cag aga ttc acc aac tca gca gga cct cct ccc 789

Phe Ser His Arg Tyr Gln Arg Phe Thr Asn Ser Ala Gly Pro Pro Pro

210

215

220

225

cca ggc ttt aag tct gag ttc aca gga cca cag aat act ggc cat ggt 837

Pro Gly Phe Lys Ser Glu Phe Thr Gly Pro Gln Asn Thr Gly His Gly

230

235

240

gca act tct ggt ttt ggc agt gct ttt aca gga caa caa gga tat gaa 885

Ala Thr Ser Gly Phe Gly Ser Ala Phe Thr Gly Gln Gln Gly Tyr Glu

245

250

255

aat tca gga cca ggg ttc tgg aca ggc ttg gga act ggt gga ata cta 933  
 Asn Ser Gly Pro Gly Phe Trp Thr Gly Leu Gly Thr Gly Gly Ile Leu  
 260 265 270

gga tat ttg ttt ggc agc aat aga gcg gca aca ccc ttc tca gac tcg 981  
 Gly Tyr Leu Phe Gly Ser Asn Arg Ala Ala Thr Pro Phe Ser Asp Ser  
 275 280 285

tgg tac tac ccg tcc tat cct ccc tcc tac cct ggc acg tgg aat agg 1029  
 Trp Tyr Tyr Pro Ser Tyr Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Thr Trp Asn Arg  
 290 295 300 305

gct tac tca ccc ctt cat gga ggc tcg ggc agc tat tcg gta tgt tca 1077  
 Ala Tyr Ser Pro Leu His Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Ser Val Cys Ser  
 310 315 320

aac tca gac acg aaa acc aga act gca tca gga tat ggt ggt acc agg 1125  
 Asn Ser Asp Thr Lys Thr Arg Thr Ala Ser Gly Tyr Gly Gly Thr Arg  
 325 330 335

aga cga taaagtagaa agttggagtc aaacactgga tgcagaaatt ttggattttt 1181  
 Arg Arg

catcactttc tctttagaaa aaaagtacta cctgttaaca attgggaaaa ggggatattc 1241

aaaagttcgg tgggtgtatg tccagtgtag ctttttgtat tctattattt gaggctaaaa 1301

gttgatgtgt gacaaaatac ttatgtgttg tatgtcagtg taacatgcag atgtatattg 1361

cagtttttga aagtgatcat tactgtggaa tgctaaaaat acattaattt ctaaacctg 1421

tgatgcccta agaagcatta agaatgaagg tgttgacta atagaaacta agtacagaaa 1481

atttcagttt taggtgggtg tagctgatga gttattacct catagagact gtaatatctt 1541

atttgggtatt atattatttg atgtttgctg ttcttcaaac atttaaataca agctttggac 1601

taattatgct aatttgtgag ttctgatcac ttttgagctc tgaagctttg aatcattcag 1661

tggtggagat ggccttctgg taactgaata ttaccttctg taggaaaagg tggaaaataa 1721

gcatctagaa gggtgtgtg aatgactctg tgctggcaaa aatgcttgaa acctctatat 1781

ttctttcgtt cataagaggt aaaggtcaaa tttttcaaca aaagtctttt aataacaaaa 1841

gcatgcagtt ctctgtgaaa tctcaaata tgttgtaata gtctgtttca atcttaaaaa 1901

gaatcaataa aaacaaacaa ggg 1924

<210> 5

<211> 127

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 5

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

115

120

125

<210> 6

<211> 702

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(605)

<400> 6

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgtcttcc gtcccggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65



aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg 572

Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu

105

110

115

gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc agt taagtgtact ctcctctcat 625

Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Ser

120

125

ccctttcttc cctttgagca ttgccctctt tgggttcttt ttgagccaat tctaataaaa 685

gtaaaaatgg taatagt

702

<210> 7

<211> 233

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe

100

105

110

Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu

115

120

125

Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala

130

135

140

Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu

145

150

155

160

Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr  
 165 170 175

Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly  
 180 185 190

Val Val Leu Glu Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser  
 195 200 205

Gly Lys Ser His Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr  
 210 215 220

Pro Ser Gly Met Val Phe His Arg Val  
 225 230

<210> 8

<211> 2409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(923)

<400> 8

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtcccggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcacct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380

Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428

Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476

Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524

Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

|   |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|
| 85  | 90  | 95  | 100 |     |
| atg gag atg agt cct tgg ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg |     |     |     | 572 |
| Met Glu Met Ser Pro Trp Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu |     |     |     |     |
|   | 105 | 110 | 115 |     |
| gac att gcc ttc aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc |     |     |     | 620 |
| Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val |     |     |     |     |
|   | 120 | 125 | 130 |     |
| tcc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg |     |     |     | 668 |
| Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp |     |     |     |     |
|   | 135 | 140 | 145 |     |
| act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc |     |     |     | 716 |
| Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe |     |     |     |     |
|   | 150 | 155 | 160 |     |
| aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat |     |     |     | 764 |
| Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp |     |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 | 180 |     |
| gtc ctt cct tac gcc cag cat ctt cat cat tat ggt gtg gta ttg gag |     |     |     | 812 |
| Val Leu Pro Tyr Ala Gln His Leu His His Tyr Gly Val Val Leu Glu |     |     |     |     |
|   | 185 | 190 | 195 |     |
| gag gat cac cat gat gtc ccg acc ccc agt gct tct gga aaa agt cat |     |     |     | 860 |
| Glu Asp His His Asp Val Pro Thr Pro Ser Ala Ser Gly Lys Ser His |     |     |     |     |
|   | 200 | 205 | 210 |     |

ctt tgc cct tgg gat ttc cat gac ctt tat caa tat ccc agt gga atg 908

Leu Cys Pro Trp Asp Phe His Asp Leu Tyr Gln Tyr Pro Ser Gly Met

215

220

225

gtt ttc cat cgg gtt tgactggacc tggatgctgc tgtttggtga catccgacag 963

Val Phe His Arg Val

230

ggcatcttct atgcgatgct tctgtccttc tggatcatct tctgtggcga gcacatgatg 1023

gatcagcagc agcggaaacca catcgcaggg tattggaagc aagtcggacc cattgccgtt 1083

ggctccttct gcctcttcat atttgacatg tgtgagagag ggttacaact cacgaatccc 1143

ttctacagta tctggactac agacattgga acagagctgg ccatggcctt catcatcgtg 1203

gctggaatct gcctctgcct ctacttctg tttctatgct tcatggtatt tcaggtgttt 1263

cggaacatca gtgggaagca gtccagcctg ccagctatga gcaaagtccg gcggctacac 1323

tatgaggggc taatttttag gttcaagttc ctcatgctta tcaccttggc ctgcgctgcc 1383

atgactgtca tcttcttcat cgtagtcag gtaacggaag gccattggaa atggggcggc 1443

gtcacagtcc aagtgaacag tgccttttcc acaggcatct atgggatgtg gaatctgtat 1503

gtctttgctc tgatgttctt gtatgcacca tccataaaa actatggaga agaccagtcc 1563

aatggcgatc tgggtgtcca tagtggggaa gaactccagc tcaccaccac tatcacccat 1623

gtggacggac ccaactgagat ctacaagttg acccgcaagg aggcccagga gtaggaggct 1683

gcagcgcccc gctgggacgg tctctccata cccagcccc tctaactaga gtggggagca 1743

tgccagagag agctcaatgt acaaatgaat gcctcatggc tcttagctgt ggtttcttgg 1803

accagcggca tggacatttg tcagtttgcc ttctgacggg agcttttgga ggaagattcc 1863

tgcagccact aatgcattgt gtatgataac aaaaactctg gtatgacaca ttttctgtga 1923

tcattgttaa ttagtgacat agtaacatct gtagcagctg gtagtaaac ctcattgtggg 1983

ggtaggggtg ggggtgtattc cttgggggat ggtttgggcc gaatggggag tggaatatatt 2043

gacatttttc ctgttttaaa ttctaggata gattttaaca tcctttgcgg tcccagtcca 2103

aggtaggctg gtgtcatagt cttctcactc ctaatccatg accactgttt ttttctatt 2163

tatatcacca ggtagccac tgagttaata ttttaagttgt caatagataa gtgtccctgt 2223

tttgtggcat aatataactg aatttcattga gaagatttat tccaccaggg gtatttcagc 2283

tttgaaacca aatctgtgta tctaatacta accaatctgt tggatgtggg ttttaaaaaa 2343

gttttgctaa actaccaag taagatttac tgtattaaat ggccttcggg tctgaaaagc 2403

tttttt 2409

<210> 9

<211> 198

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 9

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser

1

5

10

15

Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp

20

25

30

Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro

35

40

45

Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys

50

55

60

Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val Arg Gly Pro

65

70

75

80

Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg

85

90

95

Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu

100

105

110



Gly Leu Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile

115

120

125

Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp

130

135

140

Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala Asn Ala His Asp Val Leu Ala

145

150

155

160

Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln

165

170

175

Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp

180

185

190

Arg His Val Val Leu Ser

195

<210> 10

<211> 1498

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(679)

<400> 10

gtgcctgagc ctgagcctga gcctgagccc gagccgggag ccggtcgcgg gggctccggg 60

ctgtgggacc gctgggcccc cagcg atg gcg acc ctg tgg gga ggc ctt ctt 112

Met Ala Thr Leu Trp Gly Gly Leu Leu

1

5

cgg ctt ggc tcc ttg ctc agc ctg tgc tgc ctg gcg ctt tcc gtg ctg 160

Arg Leu Gly Ser Leu Leu Ser Leu Ser Cys Leu Ala Leu Ser Val Leu

10

15

20

25

ctg ctg gcg cag ctg tca gac gcc gcc aag aat ttc gag gat gtc aga 208

Leu Leu Ala Gln Leu Ser Asp Ala Ala Lys Asn Phe Glu Asp Val Arg

30

35

40

tgt aaa tgt atc tgc cct ccc tat aaa gaa aat tct ggg cat att tat 256

Cys Lys Cys Ile Cys Pro Pro Tyr Lys Glu Asn Ser Gly His Ile Tyr

45

50

55

aat aag aac ata tct cag aaa gat tgt gat tgc ctt cat gtt gtg gag 304

Asn Lys Asn Ile Ser Gln Lys Asp Cys Asp Cys Leu His Val Val Glu

60

65

70

ccc atg cct gtg cgg ggg cct gat gta gaa gca tac tgt cta cgc tgt 352

Pro Met Pro Val Arg Gly Pro Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Arg Cys

75

80

85

gaa tgc aaa tat gaa gaa aga agc tct gtc aca atc aag gtt acc att 400

Glu Cys Lys Tyr Glu Glu Arg Ser Ser Val Thr Ile Lys Val Thr Ile

90

95

100

105

ata att tat ctc tcc att ttg ggc ctt cta ctt ctg tac atg gta tat 448

Ile Ile Tyr Leu Ser Ile Leu Gly Leu Leu Leu Tyr Met Val Tyr

110

115

120

ctt act ctg gtt gag ccc ata ctg aag agg cgc ctc ttt gga cat gca 496

Leu Thr Leu Val Glu Pro Ile Leu Lys Arg Arg Leu Phe Gly His Ala

125

130

135

cag ttg ata cag agt gat gat gat att ggg gat cac cag cct ttt gca 544

Gln Leu Ile Gln Ser Asp Asp Asp Ile Gly Asp His Gln Pro Phe Ala

140

145

150

aat gca cac gat gtg cta gcc cgc tcc cgc agt cga gcc aac gtg ctg 592

Asn Ala His Asp Val Leu Ala Arg Ser Arg Ser Arg Ala Asn Val Leu

155

160

165

aac aag gta gaa tat gca cag cag cgc tgg aag ctt caa gtc caa gag 640

Asn Lys Val Glu Tyr Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu

170

175

180

185

cag cga aag tct gtc ttt gac cgg cat gtt gtc ctc agc taattgggaa 689

Gln Arg Lys Ser Val Phe Asp Arg His Val Val Leu Ser

190

195

ttgaattcaa ggtgactaga aagaaacagg cagacaactg gaaagaactg actgggtttt 749

gctgggtttc attttaatac cttgttgatt tcaccaactg ttgctggaag attcaaaaact 809

ggaagcaaaa acttgcttga ttttttttc ttgttaacgt aataatagag acatttttaa 869  
aagcacacag ctcaaagtca gccataagt ctttcctat ttgtgacttt tactaataaa 929  
aataaatctg cctgtaaatt atcttgaagt cctttacctg gaacaagcac tctctttttc 989  
accacatagt tttaacttga ctttcaagat aattttcagg gtttttggtg ttgttgtttt 1049  
ttgtttgttt gttttggtgg gagaggggag ggatgcctgg gaagtgggtt acaacttttt 1109  
tcaagtcact ttactaaaca aacttttgta aatagacctt accttctatt ttcgagtttc 1169  
atttatattt tgcagtgtag ccagcctcat caaagagctg acttactcat ttgacttttg 1229  
cactgactgt attatctggg tatctgctgt gtctgcactt catggtaaac gggatctaaa 1289  
atgcctgggtg gcttttcaca aaaagcagat tttcttcatg tactgtgatg tctgatgcaa 1349  
tgcacccatg aacaaactgg ccatttgcta gtttactcta aagactaaac atagtcttgg 1409  
tgtgtgtggt cttactcacc ttctagtacc ttttaaggaca aatcctaagg acttggacac 1469  
ttgcaataaa gaaattttat tttaaacc 1498

<210> 11

<211> 221

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 11

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly

1 5 10 15

Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu

20 25 30

Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu

35 40 45

Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro

50 55 60

Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu

65 70 75 80

Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu

85 90 95

Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile

100 105 110

Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe

115 120 125

Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala

130 135 140

Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp  
145 150 155 160

Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly  
165 170 175

Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe  
180 185 190

Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr  
195 200 205

Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr Arg Val Leu Phe Ile Tyr  
210 215 220

<210> 12

<211> 1864

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(815)

<400> 12

ctgagaagag cgtctcgccc gggagcggcg gcggccatcg agaccacccc aaggcgcgtc 60

cccctcggcc tcccagcgct cccaagccgc agcggccgcg ccccttcagc tagctcgctc 120

gctcgctctg ctccctgct gccggctgcg cc atg gcg ttg gcg ttg gcg gcg 173

Met Ala Leu Ala Leu Ala Ala

1

5

ctg gcg gcg gtc gag ccg gcc tgc ggc agc cgg tac cag cag ttg cag 221

Leu Ala Ala Val Glu Pro Ala Cys Gly Ser Arg Tyr Gln Gln Leu Gln

10

15

20

aat gaa gaa gag tct gga gaa cct gaa cag gct gca ggt gat gct cct 269

Asn Glu Glu Glu Ser Gly Glu Pro Glu Gln Ala Ala Gly Asp Ala Pro

25

30

35

cca cct tac agc agc att tct gca gag agc gca gca tat ttt gac tac 317

Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Ser Ala Glu Ser Ala Ala Tyr Phe Asp Tyr

40

45

50

55

aag gat gag tct ggg ttt cca aag ccc cca tct tac aat gta gct aca 365

Lys Asp Glu Ser Gly Phe Pro Lys Pro Pro Ser Tyr Asn Val Ala Thr

60

65

70

aca ctg ccc agt tat gat gaa gcg gag agg acc aag gct gaa gct act 413

Thr Leu Pro Ser Tyr Asp Glu Ala Glu Arg Thr Lys Ala Glu Ala Thr

75

80

85

atc cct ttg gtt cct ggg aga gat gag gat ttt gtg ggt cgg gat gat 461

Ile Pro Leu Val Pro Gly Arg Asp Glu Asp Phe Val Gly Arg Asp Asp

90

95

100

ttt gat gat gct gac cag ctg agg ata gga aat gat ggg att ttc atg 509  
Phe Asp Asp Ala Asp Gln Leu Arg Ile Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met  
105 110 115

tta act ttt ttc atg gca ttc ctc ttt aac tgg att ggg ttt ttc ctg 557  
Leu Thr Phe Phe Met Ala Phe Leu Phe Asn Trp Ile Gly Phe Phe Leu  
120 125 130 135

tct ttt tgc ctg acc act tca gct gca gga agg tat ggg gcc att tca 605  
Ser Phe Cys Leu Thr Thr Ser Ala Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Ser  
140 145 150

gga ttt ggt ctc tct cta att aaa tgg atc ctg att gtc agg ttt tcc 653  
Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser  
155 160 165

acc tat ttc cct gga tat ttt gat ggt cag tac tgg ctc tgg tgg gtg 701  
Thr Tyr Phe Pro Gly Tyr Phe Asp Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Val  
170 175 180

ttc ctt gtt tta ggc ttt ctc ctg ttt ctc aga gga ttt atc aat tat 749  
Phe Leu Val Leu Gly Phe Leu Leu Phe Leu Arg Gly Phe Ile Asn Tyr  
185 190 195

gca aaa gtt cgg aag atg cca gaa act ttc tca aat ctc ccc agg acc 797  
Ala Lys Val Arg Lys Met Pro Glu Thr Phe Ser Asn Leu Pro Arg Thr  
200 205 210 215

aga gtt ctc ttt att tat taaagatgtt ttctggcaaa ggccttcctg 845



Arg Val Leu Phe Ile Tyr

220

catttatgaa ttctctctca agaagcaaga gaacacctgc aggaagtgaa tcaagatgca 905

gaacacagag gaataatcac ctgctttaaa aaaataaagt actgttgaaa agatcatttc 965

tctctatttg ttcttaggtg taaaatttta atagttaatg cagaattctg taatcattga 1025

atcattagtg gttaatgttt gaaaaagctc ttgcaatcaa gtctgtgatg tattaataat 1085

gccttatata ttgtttgtag tcattttaag tagcatgagc catgtccctg tagtcggtag 1145

ggggcagtct tgctttattc atcctccatc tcaaaatgaa cttggaatta aatattgtaa 1205

gatatgtata atgctggcca ttttaaaggg gttttctcaa aagttaaact ttgctatga 1265

ctgtgttttt gcacataatc catatttgct gticaagtta atctagaaat ttattcaatt 1325

ctgtatgaac acctggaagc aaaatcatag tgcaaaaata catttaaggt gtggtcaaaa 1385

ataagtcttt aattggtaaa taataagcat taatttttta tagcctgtat tcacaattct 1445

gcggtacctt attgtaccta agggattcta aagggtgtgt cactgtataa aacagaaagc 1505

actaggatac aaatgaagct taattactaa aatgtaattc ttgacactct ttctataatt 1565

agcgttcttc acccccaccc ccacccccac ccccttatt ttcttttgt ctcttggtga 1625

ttaggcctaaa gtctgggagt aaggagagga ttaggtactt aggagcaaag aaagaagtag 1685

cttggaactt ttgagatgat ccctaacata ctgtactact tgcttttaca atgtgttagc 1745

agaaaccagt gggttataat gtagaatgat gtgctttctg cccaagtggg aattcatctt 1805

ggtttgctat gttaaaactg taaatacaac agaacattaa taaatatctc ttgtgtagc 1864

<210> 13

<211> 242

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 13

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn

1 5 10 15

Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser

20 25 30

Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu

35 40 45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val

50 55 60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro

65 70 75 80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu

85

90

95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln

100

105

110

Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala

115

120

125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe

130

135

140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile

145

150

155

160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu

165

170

175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr

180

185

190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu

195

200

205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg

210

215

220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe

225

230

235

240

Leu Leu

<210> 14

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 14

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gcg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80

85

90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu

95

100

105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110

115

120

125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

130

135

140

gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc 483

Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser

145

150

155

ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga 531

Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly

160

165

170

ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat 579

Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp

175

180

185

tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt 627

Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe

190

195

200

205

ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta 675

Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu

210

215

220

aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg 723

Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg

225

230

235

tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaaccgga cattcctttc ttataccaat 778

Tyr Phe Phe Leu Leu

240

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838

gacaaattag tgaagaaaag acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta 898

caagccattt ctgttcattc ttttaagtatc tatatttcatt ttgttttgca catatgcata 958

tgtgccccatt taagatatatt gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag 1018

tccagtcaca tttggttaat cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078

tcttccagct tgtaaatgcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138

ttcttaacca tgtcaaatga tttagtttct ggctcttaga ctcacttggc agttctacac 1198

atgaaacatc ttttgttata taggggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258

attgtcaga tttttgaaca tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa 1318

taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378

actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca 1438

cacacacata tatatatatta gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498

ttttaagaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558

ggacatacta gttttagga ttttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatctt gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat 1738

aaaatatctt tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatctt gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918  
gcatatagga ctgtggggtc tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978  
aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatcct gcaaatcatt ttatgtctca 2038  
tctgtttttc ctttcgggta tatctttggt ttggaatacc aacatttaaa atgatggat 2098  
tttatctttt aaacttaaaa attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158  
cttatttatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218  
catttccaaa aaataaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278  
cattgtcttt gataaataaa acagttttgt ttgctaata tagcct 2324

<210> 15  
<211> 242  
<212> PRT  
<213> Homo sapiens

<400> 15  
Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn  
1 5 10 15  
Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser  
20 25 30



Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu  
35 40 45

Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val  
50 55 60

Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro  
65 70 75 80

Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu  
85 90 95

Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln  
100 105 110

Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala  
115 120 125

Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe  
130 135 140

Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile  
145 150 155 160

Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu  
165 170 175

Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr  
180 185 190

Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu

195

200

205

Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg

210

215

220

Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe

225

230

235

240

Leu Leu

<210> 16

<211> 2324

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (13)..(738)

<400> 16

gagccgggca gg atg gat cac cac cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg 51

Met Asp His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val

1

5

10

ctt ctt aat gaa gag gat aac tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca 99

Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro

15

20

25

cct act tca aac cca gca ccg cag att gtg cag gct gtg tct tca gca 147

Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala

30

35

40

45

cca gca ctt gaa act gac tct tcc cct cca cca tat agt agt att act 195

Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr

50

55

60

gtg gaa gta cct aca act tca gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat 243

Val Glu Val Pro Thr Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr

65

70

75

ccc gtg cca cct ccc tat agc gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat 291

Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp

80

85

90

gaa gct gag aag gct aaa gct gct gca atg gca gct gca gca gca gaa 339

Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu

95

100

105

aca tct caa aga att cag gag gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc 387

Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe

110

115

120

125

agt gat gca gac cag ctc aga gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg 435

Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 130   | 135 | 140 |     |
| gca ttt ttc atg gca ttt att ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc |     |     | 483 |
| Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser |     |     |     |
| 145   | 150 | 155 |     |
| ttc tgt atc acc aat acc ata gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga |     |     | 531 |
| Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly |     |     |     |
| 160   | 165 | 170 |     |
| ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat |     |     | 579 |
| Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp |     |     |     |
| 175   | 180 | 185 |     |
| tat ttt act gga tat ttc aat gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt |     |     | 627 |
| Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe |     |     |     |
| 190   | 195 | 200 | 205 |
| ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta |     |     | 675 |
| Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu |     |     |     |
| 210   | 215 | 220 |     |
| aaa gtc aga aac atg tct gaa agt atg gca gct gct cat aga aca agg |     |     | 723 |
| Lys Val Arg Asn Met Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg |     |     |     |
| 225   | 230 | 235 |     |
| tat ttc ttc tta ttg tagagactgc atcaaccgga cattcctttc ttataccaat |     |     | 778 |
| Tyr Phe Phe Leu Leu   |     |     |     |
| 240   |     |     |     |

gtgaaatttc cagatcatct gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa 838  
gacaaattag tgaagaaaag acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta 898  
caagccattt ctgttcattc tttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata 958  
tgtgcccatt taagatattt gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag 1018  
tccagtcaca tttggttaat cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag 1078  
tcttcagct tgtaaagcc attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa 1138  
ttcttaacca tgtcaaata tttagtttct ggctcttaga ctcactggc agttctacac 1198  
atgaaacatc ttttgttata tagggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg 1258  
attgtcaga tttttgaaca tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa 1318  
taaccatgca taacttactt tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc 1378  
actaatttta aattaagtga actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca 1438  
cacacacata tatatattta gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa 1498  
ttttaagaaa atgtgggaat accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttattttaag 1558  
ggacatacta gttttaggga ttttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt 1618

aagagatcctt gcaggaagag attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt 1678

tcaaagttaa ttttctaaat aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat 1738

aaaatatcctt tcagtatcat tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa 1798

ataaaatcctt gtactatgaa tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa 1858

acatatcctg aactgagata tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg 1918

gcatatagga ctgtggggtc tgttgtgtga gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg 1978

aatttaattt acattcataa actactatat ttcccatcctt gcaaatcatt ttatgtctca 2038

tctgtttttc ctttcggtta tatctttggt ttggaatacc aacatttaaa atgatggtat 2098

tttatctttt aaacttaaaa attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt 2158

cttatattatt attagacatt actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc 2218

catttccaaa aaataaaatt tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt 2278

cattgtcttt gataaataaa acagttttgt ttgctaata tagcct 2324

<210> 17

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 17

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1 5 10 15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20 25 30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35 40 45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50 55 60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65 70 75 80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85 90 95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100 105 110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115 120 125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr

130 135 140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr  
145 150 155 160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro  
165 170 175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala  
180 185 190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile  
195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln  
210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala  
225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn  
245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu  
260 265 270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr  
275 280 285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu  
290 295 300



Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met  
 305 310 315 320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu  
 325 330 335

<210> 18

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 18

cttacttttc catctcctcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58  
 Met Ala  
 1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106  
 Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn  
 5 10 15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154  
 Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala  
 20 25 30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35 40 45 50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55 60 65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298

Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp

70 75 80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346

Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His

85 90 95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394

Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn

100 105 110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442

Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro

115 120 125 130

cag att gtg cag gct gtg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490

Gln Ile Val Gln Ala Val Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser

135 140 145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538  
 Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser  
 150 155 160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586  
 Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser  
 165 170 175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634  
 Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala  
 180 185 190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682  
 Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu  
 195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730  
 Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg  
 215 220 225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778  
 Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile  
 230 235 240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826  
 Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile  
 245 250 255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874

Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys  
260 265 270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922  
Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn  
275 280 285 290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970  
Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu  
295 300 305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018  
Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu  
310 315 320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060  
Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu  
325 330 335

tagagactgc atcaaccgga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggcagggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcatt ttgttttgca catatgcata tgtgccatt taagatattt 1300

gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagtttaag tccagtcaca tttggttaat 1360

cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttccagct tgtaaatgcc 1420  
 attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480  
 tttagtttct ggctcttaga ctcactggtc agttctacac atgaaacatc ttttgttata 1540  
 taaggtgtat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg atttgtcaga tttttgaaca 1600  
 tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660  
 tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720  
 actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatataca cacacacata tatatattta 1780  
 gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840  
 accaaatgac ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900  
 ttttcagatg ggaagctgca tttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960  
 attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020  
 aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080  
 tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140  
 tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatcctg aactgagata 2200  
 tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260

tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320

actactatat ttcccatcctt gcaaatacatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcgggta 2380

tatctttggt tttgaatacc aacatttaaa atgatgggat tttatctttt aaacttaaaa 2440

attatttaat acagctatat ggaccttata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttccaaa aaataaaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt tttgct 2636

<210> 19

<211> 336

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 19

Met Ala Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met

1

5

10

15

Leu Asn Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr

20

25

30

Asn Ala Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu

35

40

45

Leu Pro Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro

50

55

60

Ala Ala Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly

65

70

75

80

Glu Asp Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp

85

90

95

His His Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu

100

105

110

Asp Asn Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro

115

120

125

Ala Pro Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr

130

135

140

Asp Ser Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr

145

150

155

160

Thr Ser Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro

165

170

175

Tyr Ser Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala

180

185

190

Lys Ala Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile  
195 200 205

Gln Glu Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln  
210 215 220

Leu Arg Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala  
225 230 235 240

Phe Ile Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn  
245 250 255

Thr Ile Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu  
260 265 270

Ile Lys Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr  
275 280 285

Phe Asn Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu  
290 295 300

Leu Leu Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met  
305 310 315 320

Ser Glu Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu  
325 330 335

<210> 20



<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (53)..(1060)

<400> 20

cttacttttc catctcctcc caccagcta taccctccca ctggcggcgc gg atg gca 58

Met Ala

1

cgc cgg cgg agc cag cga gtc tgc gcg agc ggt ccg agc atg ctc aat 106

Arg Arg Arg Ser Gln Arg Val Cys Ala Ser Gly Pro Ser Met Leu Asn

5

10

15

agc gcg cgc ggc gcc ccg gag ctt ctc cgc gga acc gcg acc aac gcg 154

Ser Ala Arg Gly Ala Pro Glu Leu Leu Arg Gly Thr Ala Thr Asn Ala

20

25

30

gag gtc tcg gcg gcc gct gcg gga gcc aca gga agt gaa gag ctt ccg 202

Glu Val Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Ser Glu Glu Leu Pro

35

40

45

50

ccg gga gac cgc ggc tgc agg aac gga ggc gga agg ggc cct gcg gcg 250

Pro Gly Asp Arg Gly Cys Arg Asn Gly Gly Gly Arg Gly Pro Ala Ala

55

60

65

acg acg tcg tcg acg ggg gtg gcc gtg gga gct gag cac gga gaa gac 298  
 Thr Thr Ser Ser Thr Gly Val Ala Val Gly Ala Glu His Gly Glu Asp  
 70 75 80

tcc ctc tct cgg aag ccg gat ccc gag ccg ggc agg atg gat cac cac 346  
 Ser Leu Ser Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Met Asp His His  
 85 90 95

cag ccg ggg act ggg cgc tac cag gtg ctt ctt aat gaa gag gat aac 394  
 Gln Pro Gly Thr Gly Arg Tyr Gln Val Leu Leu Asn Glu Glu Asp Asn  
 100 105 110

tca gaa tca tcg gct ata gag cag cca cct act tca aac cca gca ccg 442  
 Ser Glu Ser Ser Ala Ile Glu Gln Pro Pro Thr Ser Asn Pro Ala Pro  
 115 120 125 130

cag att gtg cag gct gcg tct tca gca cca gca ctt gaa act gac tct 490  
 Gln Ile Val Gln Ala Ala Ser Ser Ala Pro Ala Leu Glu Thr Asp Ser  
 135 140 145

tcc cct cca cca tat agt agt att act gtg gaa gta cct aca act tca 538  
 Ser Pro Pro Pro Tyr Ser Ser Ile Thr Val Glu Val Pro Thr Thr Ser  
 150 155 160

gat aca gaa gtt tac ggt gag ttt tat ccc gtg cca cct ccc tat agc 586  
 Asp Thr Glu Val Tyr Gly Glu Phe Tyr Pro Val Pro Pro Pro Tyr Ser  
 165 170 175

gtt gct acc tct ctt cct aca tac gat gaa gct gag aag gct aaa gct 634

Val Ala Thr Ser Leu Pro Thr Tyr Asp Glu Ala Glu Lys Ala Lys Ala  
180 185 190

gct gca atg gca gct gca gca gca gaa aca tct caa aga att cag gag 682  
Ala Ala Met Ala Ala Ala Ala Glu Thr Ser Gln Arg Ile Gln Glu  
195 200 205 210

gaa gag tgt cca cca aga gat gac ttc agt gat gca gac cag ctc aga 730  
Glu Glu Cys Pro Pro Arg Asp Asp Phe Ser Asp Ala Asp Gln Leu Arg  
215 220 225

gtg ggg aat gat ggc att ttc atg ctg gca ttt ttc atg gca ttt att 778  
Val Gly Asn Asp Gly Ile Phe Met Leu Ala Phe Phe Met Ala Phe Ile  
230 235 240

ttc aac tgg ctt gga ttt tgt tta tcc ttc tgt atc acc aat acc ata 826  
Phe Asn Trp Leu Gly Phe Cys Leu Ser Phe Cys Ile Thr Asn Thr Ile  
245 250 255

gct gga agg tat ggt gct atc tgc gga ttt ggc ctt tcc ttg atc aaa 874  
Ala Gly Arg Tyr Gly Ala Ile Cys Gly Phe Gly Leu Ser Leu Ile Lys  
260 265 270

tgg atc ctt att gtc agg ttt tct gat tat ttt act gga tat ttc aat 922  
Trp Ile Leu Ile Val Arg Phe Ser Asp Tyr Phe Thr Gly Tyr Phe Asn  
275 280 285 290

gga cag tat tgg ctt tgg tgg ata ttt ctt gta ctt ggc ctg ctc ctt 970  
Gly Gln Tyr Trp Leu Trp Trp Ile Phe Leu Val Leu Gly Leu Leu Leu

295

300

305

ttc ttc aga gga ttt gtt aat tat cta aaa gtc aga aac atg tct gaa 1018

Phe Phe Arg Gly Phe Val Asn Tyr Leu Lys Val Arg Asn Met Ser Glu

310

315

320

agt atg gca gct gct cat aga aca agg tat ttc ttc tta ttg 1060

Ser Met Ala Ala Ala His Arg Thr Arg Tyr Phe Phe Leu Leu

325

330

335

tagagactgc atcaaccga cattcctttc ttataccaat gtgaaatttc cagatcatct 1120

gtaaacctac aactttaata gaagactact aataacagaa gacaaattag tgaagaaaag 1180

acggagtttc gaaattgaat ggccagggtgg tttttgctta caagccattt ctgttcattc 1240

tttaagtatc tatatttcat ttgttttgca catatgcata tgtgccatt taagatat 1300

gcatatactt gatagaaacc ataaagttgt agcagttaag tccagtcaca ttgtgtta 1360

cagtgtttga tataattgaa agagttgagt ggataaacag tcttcagct tgtaaatgcc 1420

attgacttct gacctgacat ttagtataat aaaaatgaaa ttcttaacca tgtcaaatga 1480

tttagtttct ggctcttaga ctcatctggc agttctacac atgaaacatc tttgtttata 1540

taagggtgat tgaaacctgc agtgctgatt attagaaagg attgtcaga tttttgaaca 1600

tgatatttac attattattt aggaaaactc ttcctgtaaa taaccatgca taacttactt 1660

tctgcaatgt tttcttagaa attgtgtcca gatagctttc actaatttta aattaagtga 1720  
actaaatata tatgtgtata tgtatacaca tatatatata cacacacata tatatatatta 1780  
gaaacgtgag tgttaaagat agaatttggt ttaggacaaa ttttaagaaa atgtgggaat 1840  
accaaatgtc ctttataaga aaaataaatt ttgttttaag ggacatacca gttttaggga 1900  
tttcagatg ggaagctgca ttttaggat tgcccatctt aagagatctt gcaggaagag 1960  
attgtattag atattatatt tatttcattt aagataattt tcaaagttaa ttttctaaat 2020  
aagataattc tcatttgtgt ttgtctttta aaaggccaat aaaatatctt tcagtatcat 2080  
tgtaataatt ttttagagtt taatttgtaa agcttagcaa ataaaatctt gtactatgaa 2140  
tagcttcttg ctttatgact ttaggattaa cttgtaaaaa acatatacctg aactgagata 2200  
tgcaaaatac tcattttcaa gttatggaaa tgtgtttgtg gcatatagga ctgtggggtc 2260  
tgtgtgtgta gtgagagtgt gtagccacta ttataactgg aatttaattt acattcataa 2320  
actactatat ttcccatctt gcaaatcatt ttatgtctca tctgtttttc ctttcgggta 2380  
tatctttggt tttgaatacc aacatttaaa atgatggat tttatctttt aaacttaaaa 2440  
attatttaat acagctatat ggacctata aaattgattt cttatttatt attagacatt 2500

actactaaaa ggtacatcta actattcagg gacatttttc catttcctaaa aaataaaaatt 2560

tattatgctt tataacctct tctgtatttt ctaatttttt cattgtcttt gataaataaa 2620

acagttttgt tttgct 2636

<210> 21

<211> 76

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 21

Met Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr

1 5 10 15

Lys Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val

20 25 30

Ser Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn

35 40 45

Lys Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr

50 55 60

Lys Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

65 70 75

<210> 22

<211> 1085

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(403)

<400> 22

gggctagcgg cctgggttgg gctttgtagc tgctccgcag gccagcccg ggccgcgctc 60

gcagagtcct aggcggtgcg cggcctcctg cctcctccct cctcggcggt cgcggcccg 120

cggcctccgc ggtgcctgcc ttcgctctca gggtgaggag ctcaagcttg ggaaa atg 178

Met

1

gtg tgc att cct tgt atc gtc att cca gtt ctg ctc tgg atc tac aaa 226

Val Cys Ile Pro Cys Ile Val Ile Pro Val Leu Leu Trp Ile Tyr Lys

5

10

15

aaa ttc ctg gag cca tat ata tac cct ctg gtt tcc ccc ttc gtt agt 274

Lys Phe Leu Glu Pro Tyr Ile Tyr Pro Leu Val Ser Pro Phe Val Ser

20

25

30

cgt ata tgg cct aag aaa gca ata caa gaa tcc aat gat aca aac aaa 322

Arg Ile Trp Pro Lys Lys Ala Ile Gln Glu Ser Asn Asp Thr Asn Lys

35

40

45

ggc aaa gta aac ttt aag ggt gca gac atg aat gga tta cca aca aaa 370

Gly Lys Val Asn Phe Lys Gly Ala Asp Met Asn Gly Leu Pro Thr Lys

50

55

60

65

gga cca aca gaa atc tgt gat aaa aag aaa gac taaagaaatt ttcctaaagg 423

Gly Pro Thr Glu Ile Cys Asp Lys Lys Lys Asp

70

75

accccatcat ttaaaaaatg gacctgataa tatgaagcat cttccttgta attgtctctg 483

acctttttat ctgagaccgg aattcaggat aggagtctag atatttacct gatactaatac 543

aggaaatata tgatatccgt atttaaaatg tagttagtta tatttaatga cctcattcct 603

aagttccttt ttcgttaatg tagctttcat ttctgttatt gctgtttgaa taatatgatt 663

aaatagaagg tttgtgccag tagacattat gttactaaat cagcacttta aaatcttttg 723

ttctctaatt catatgaatt tgctgtttgc tctaatttct ttgggctctt ctaatttgag 783

tggagtacaa ttttgttgtg aaacagtcca gtgaaactgt gcagggaat gaaggtagaa 843

ttttgggagg taataatgat gtgaaacata aagatttaat aattactgtc caacacagtg 903

gagcagcttg tccacaaata tagtaattac tatttattgc tctaaggaag attaaaaaaaa 963

gatagggaaa aggggggaaac ttctttgaaa aatgaaacat ctgttacatt aatgtctaata 1023



tataaaattt taatccttac tgcatttctt ctgttcctac aaatgtatta aacattcagt 1083

tt 1085

<210> 23

<211> 84

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 23

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1 5 10 15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20 25 30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35 40 45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr Trp

50 55 60

Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His Ser

65 70 75 80

Leu Ser Gly Leu

<210> 24

<211> 1593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (65)..(316)

<400> 24

agcgtcgcct cacgcggagc agagctgagc tgaagcggga cccggagccc gagcagccgc 60

cgcc atg gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc 109

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile

1 5 10 15

ctg ccg gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa 157

Leu Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys

20 25 30

gtg ctg tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag 205

Val Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln

35 40 45

att ccc ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac cct ttc tat 253

Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Phe Tyr

50 55 60

tgg atg aga gtg att cta gcc tct aac aga ggc aca ttg atg gag cac 301  
Trp Met Arg Val Ile Leu Ala Ser Asn Arg Gly Thr Leu Met Glu His

65

70

75

tct ctc tct ggc ctt tagggagtcc cctcttagga caggcactgc ccagcagcaa 356  
Ser Leu Ser Gly Leu

80

gggcagcaga gttgggtgct aagatcctga ggagctcgag gtttcgagct ggcttttagac 416

attggtggga ccaaggatgt tttgcaggat gccctgatcc taagaagggg gcctgggggt 476

gcgtgcagcc tgtcggggag accccactct gtgcacctat tggctcttct agctgactct 536

tctcgttggg cttagagtct gcctgtttct gctagctccg tgtttagtcc acttgggtca 596

tcagctctgc caagctgagc ctggccaagc taggtggaca gacccttgca gtgatgtccg 656

tttgtccaga ttctgccagt catcactgga cagctctcct cgcagctgcc ctagcaaggg 716

gagacattgt ggtagctatc agacatggac agaaactgac ttagtgctca caagccccta 776

caccttctgg gctgaagatc acccagctgt gttcagaatt ttcttactgt gcttaggact 836

gcacgcaagt gagcagacac caccgacttc ctttctgcgt caccagtgtc gtcagcagag 896

agaggacagc acaggctcaa ggttggtagt gaagtcaggt tcgggggtgca tgggctgtgg 956

tggtggtgat cagttgctcc agtgtttgaa ataagaagac tcatgtttat gtctggaata 1016

agttctgttt gtgctgacag gtgaccttgc tggcagtgt agccaggaaa cagagtgacc 1076

aagggacaag aagggacttg cctaaagcca cccagcaact cagcagcaga accaagatgg 1136

gccccaggct cctccatatg gcccagggt taccacccta tcacacgtgg ctttgtctag 1196

accagtcct gagcaggga gaggtcttg agacctgat cctcctacc cacatggttc 1256

tccactgcc ctgtctgctc tgctgtaca gaggggcagg gcctcccca gccacgctt 1316

aggaatgctt gccctctggc aggcaggcag ctgtaccaa gctggtgggc agggggctgg 1376

aaggcaccag gcctcaggag gagccccata gtcccgctg cagcctgtaa ccatcggtg 1436

ggccctgcaa ggcccacact cagccctgt gggatggt caggtgggt ggggtggggc 1496

tgacccagc ttccaggga ctgtactgt ggacgcaaa atggcataac tgagataagg 1556

tgaataagtg acaaataaag ccagtttttt acaaggt 1593

<210> 25

<211> 179

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 25

Met Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu

1

5

10

15

Pro Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val

20

25

30

Leu Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile

35

40

45

Pro Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala

50

55

60

Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys

65

70

75

80

Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln

85

90

95

Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met

100

105

110

Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly

115

120

125

Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile

130

135

140

Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr

145

150

155

160

Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala

165

170

175

Leu Leu Phe

<210> 26

<211> 1820

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (114)..(650)

<400> 26

gtgtctctcg gcggagctgc tgtgcagtgg aacgcgctgg gccgcgggca gcgtcacctc 60

acgcggagca gagctgagct gaagcgggac ccggagcccg agcagccgcc gcc atg 116

Met

1

gca atc aaa ttt ctg gaa gtc atc aag ccc ttc tgt gtc atc ctg ccg 164

Ala Ile Lys Phe Leu Glu Val Ile Lys Pro Phe Cys Val Ile Leu Pro

5

10

15

gaa att cag aag cca gag agg aag att cag ttt aag gag aaa gtg ctg 212

Glu Ile Gln Lys Pro Glu Arg Lys Ile Gln Phe Lys Glu Lys Val Leu

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 20  | 25  | 30  |     |
| tgg acc gct atc acc ctc ttt atc ttc tta gtg tgc tgc cag att ccc |     |     | 260 |
| Trp Thr Ala Ile Thr Leu Phe Ile Phe Leu Val Cys Cys Gln Ile Pro |     |     |     |
| 35  | 40  | 45  |     |
| ctg ttt ggg atc atg tct tca gat tca gct gac ccg gtc cat gca gtt |     |     | 308 |
| Leu Phe Gly Ile Met Ser Ser Asp Ser Ala Asp Pro Val His Ala Val |     |     |     |
| 50  | 55  | 60  | 65  |
| gta tac ata gtg ttc atg ctg ggc tcc tgt gca ttc ttc tcc aaa acg |     |     | 356 |
| Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys Ala Phe Phe Ser Lys Thr |     |     |     |
| 70  | 75  | 80  |     |
| tgg att gag gtc tca ggt tcc tct gcc aaa gat gtt gca aag cag ctg |     |     | 404 |
| Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Ala Lys Asp Val Ala Lys Gln Leu |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
| aag gag cag cag atg gtg atg aga ggc cac cga gag acc tcc atg gtc |     |     | 452 |
| Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His Arg Glu Thr Ser Met Val |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 |     |
| cat gaa ctc aac cgg tac atc ccc aca gcc gcg gcc ttt ggt ggg ctg |     |     | 500 |
| His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala Ala Ala Phe Gly Gly Leu |     |     |     |
| 115   | 120 | 125 |     |
| tgc atc ggg gcc ctc tcg gtc ctg gct gac ttc cta ggc gcc att ggg |     |     | 548 |
| Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu Gly Ala Ile Gly |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 | 145 |

tct gga acc ggg atc ctg ctc gca gtc aca atc atc tac cag tac ttt 596

Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe

150

155

160

gag atc ttc gtt aag gag caa agc gag gtt ggc agc atg ggg gcc ctg 644

Glu Ile Phe Val Lys Glu Gln Ser Glu Val Gly Ser Met Gly Ala Leu

165

170

175

ctc ttc tgagcccgctc tcccggacag gttgaggaag ctgctccaga agcgcctcgg 700

Leu Phe

aaggggagct ctcacatcatgg cgcgtgctgc tgcggcatat ggacttttaa taatgttttt 760

gaatttcgta ttctttcatt ccaactgtgta aagtgctaga cattttccaa tttaaaattt 820

tgctttttat cctggcactg gcaaaaagaa ctgtgaaagt gaatttattc agccgactgc 880

cagagaagtg ggaatggtat aggattgtcc ccaagtgtcc atgtaacttt tgttttaacc 940

tttgacatt ctcagtgtg tatgcggctg cagccgtctc acctgtttcc ccacaaaggg 1000

aatttctcac tctggttggga agcacaaca ctgaaatgtc tacgtttcat tttggcagta 1060

gggtgtgaag ctgggagcag atcatgtatt tcccggagac atgggacatt gctggcatgt 1120

ctccttcaca atcaggcgtg ggaatatctg gcttaggact gtttctctct aagacaccat 1180

tgttttccct tatttttaaaa gtgatttttt taaggacaga acttcttcca aaagagaggg 1240



atggctttcc cagaagacac tctggagacc ttgctggcag tgctagccag gaaacagagt 1300  
gaccaaggga caagaaggga cttgcctaaa gccaccacagc aactcagcag cagaaccaag 1360  
atgggccccca ggctcctcca tatggcccag ggcttaccac cctatcacac gtggccttgt 1420  
ctagaccacag tcctgagcag gggagaggct cttgagacct gatgccctcc taccacatg 1480  
gttctcccac tgccctgtct gctctgctgc tacaragggg cagggcctcc cccagcccac 1540  
gcttaggaat gcttggcctc tggcaggcag gcagctgtac ccaagctggt gggcaggggg 1600  
ctggaaggca ccaggcctca ggaggagccc catagtcccg cctgcagcct gtaaccatcg 1660  
gctgggcctt gcaaggccca cactcacgcc ctgtgggtga tggtcacggt ggggtgggtgg 1720  
gggctgaccc cagcttccag gggactgtca ctgtggacgc caaaatggca taactsasat 1780  
aaggtgaata agtgacaaat aaagccagtt ttttacaagg 1820

<210> 27

<211> 279

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 27

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1                      5                      10                      15

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20                      25                      30

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35                      40                      45

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50                      55                      60

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65                      70                      75                      80

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85                      90                      95

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100                      105                      110

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115                      120                      125

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130                      135                      140

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro

145                      150                      155                      160

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val  
 165 170 175

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln  
 180 185 190

Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln  
 195 200 205

Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser  
 210 215 220

Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly  
 225 230 235 240

Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr  
 245 250 255

Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly  
 260 265 270

Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn  
 275

<210> 28

<211> 1472

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(955)

<400> 28

gcccagcaga tgaggaagtg gcaggcaggc aggctggccc cggggacttc tctctggccc 60

tgctccctcc gagegctccg ccgttgcccg cctggcccct acggagtcct tagccagg 118

atg gag gct gtt gtg aac ttg tac caa gag gtg atg aag cac gca gat 166

Met Glu Ala Val Val Asn Leu Tyr Gln Glu Val Met Lys His Ala Asp

1

5

10

15

ccc cgg atc cag ggc tac cct ctg atg ggg tcc ccc ttg cta atg acc 214

Pro Arg Ile Gln Gly Tyr Pro Leu Met Gly Ser Pro Leu Leu Met Thr

20

25

30

tcc att ctc ctg acc tac gtg tac ttc gtt ctc tca ctt ggg cct cgc 262

Ser Ile Leu Leu Thr Tyr Val Tyr Phe Val Leu Ser Leu Gly Pro Arg

35

40

45

atc atg gct aat cgg aag ccc ttc cag ctc cgt ggc ttc atg att gtc 310

Ile Met Ala Asn Arg Lys Pro Phe Gln Leu Arg Gly Phe Met Ile Val

50

55

60

tac aac ttc tca ctg gtg gca ctc tcc ctc tac att gtc tat gag ttc 358

Tyr Asn Phe Ser Leu Val Ala Leu Ser Leu Tyr Ile Val Tyr Glu Phe

65

70

75

80

ctg atg tcg ggc tgg ctg agc acc tat acc tgg cgc tgt gac cct gtg 406

Leu Met Ser Gly Trp Leu Ser Thr Tyr Thr Trp Arg Cys Asp Pro Val

85

90

95

gac tat tcc aac agc cct gag gca ctt agg atg gtt cgg gtg gcc tgg 454

Asp Tyr Ser Asn Ser Pro Glu Ala Leu Arg Met Val Arg Val Ala Trp

100

105

110

ctc ttc ctc ttc tcc aag ttc att gag ctg atg gac aca gtg atc ttt 502

Leu Phe Leu Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu Met Asp Thr Val Ile Phe

115

120

125

att ctc cga aag aaa gac ggg cag gtg acc ttc cta cat gtc ttc cat 550

Ile Leu Arg Lys Lys Asp Gly Gln Val Thr Phe Leu His Val Phe His

130

135

140

cac tct gtg ctt ccc tgg agc tgg tgg tgg ggg gta aag att gcc ccg 598

His Ser Val Leu Pro Trp Ser Trp Trp Trp Gly Val Lys Ile Ala Pro

145

150

155

160

gga gga atg ggc tct ttc cat gcc atg ata aac tct tcc gtg cat gtc 646

Gly Gly Met Gly Ser Phe His Ala Met Ile Asn Ser Ser Val His Val

165

170

175

ata atg tac ctg tac tac gga tta tct gcc ttt ggc cct gtg gca caa 694

Ile Met Tyr Leu Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Phe Gly Pro Val Ala Gln

180

185

190

ccc tac ctt tgg tgg aaa aag cac atg aca gcc att cag ctg atc cag 742  
Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys His Met Thr Ala Ile Gln Leu Ile Gln

195

200

205

ttt gtc ctg gtc tca ctg cac atc tcc cag tac tac ttt atg tcc agc 790  
Phe Val Leu Val Ser Leu His Ile Ser Gln Tyr Tyr Phe Met Ser Ser

210

215

220

tgt aac tac cag tac cca gtc att att cac ctc atc tgg atg tat ggc 838  
Cys Asn Tyr Gln Tyr Pro Val Ile Ile His Leu Ile Trp Met Tyr Gly

225

230

235

240

acc atc ttc ttc atg ctg ttc tcc aac ttc tgg tat cac tct tat acc 886  
Thr Ile Phe Phe Met Leu Phe Ser Asn Phe Trp Tyr His Ser Tyr Thr

245

250

255

aag ggc aag cgg ctg ccc cgt gca ctt cag caa aat gga gct cca ggt 934  
Lys Gly Lys Arg Leu Pro Arg Ala Leu Gln Gln Asn Gly Ala Pro Gly

260

265

270

att gcc aag gtc aag gcc aac tgagaagcat ggcctagata ggcgccacc 985  
Ile Ala Lys Val Lys Ala Asn

275

taagtgcctc aggactgcac cttagggcag tgtccgtcag tgccctctcc acctacacct 1045

gtgaccaagg cttatgtggt caggactgag caggggactg gccctcccct cccacagct 1105

gctctacagg gaccacggct ttggttcctc acccacttcc cccgggcagc tccagggatg 1165

tggcctcatt gctgtctgcc actccagagc tgggggctaa aagggtgta cagttatttc 1225

ccctccctg ccttaaaact tgggagagga gcactcaggg ctggccccac aaagggtctc 1285

gtggcctttt tctcacaca gaagaggtca gcaataatgt cactgtggac ccagtctcac 1345

tcctccaccc cacacactga agcagtagct tctgggccaag aggtcagggt gggcgggggc 1405

ctgggaatac agcctgtgga ggctgcttac tcaacttgtg tcttaattaa aagtgcacaga 1465

ggaaacc 1472

<210> 29

<211> 137

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 29

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20 25 30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35 40 45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro  
50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln  
65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr  
85 90 95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly  
100 105 110

Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala  
115 120 125

Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu  
130 135

<210> 30

<211> 1788

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (145)..(555)

<400> 30



gtgcttcctg tggctgacgt catctggagg agatttgctt tctttttctc caaaagggga 60

ggaaattgaa actgagtggc ccacgatggg aagaggggaa agcccagggg tacaggaggc 120

ctctgggtga aggcagaggc taac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc gtt 171

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val

1

5

ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc ttc 219

Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe

10

15

20

25

acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt ccg 267

Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro

30

35

40

gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat cct 315

Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro

45

50

55

cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag ggc 363

Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly

60

65

70

tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac cca 411

Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro

75

80

85

atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg gcc 459

Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala  
 90 95 100 105

tac cac gag acc ctg gct gga gga gca gcc gcg ccc tac ccc gcc agc 507  
 Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Gly Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ala Ser  
 110 115 120

cag cct cct tac aac ccg gcc tac atg gat gcc ccg aag gcg gcc ctc 555  
 Gln Pro Pro Tyr Asn Pro Ala Tyr Met Asp Ala Pro Lys Ala Ala Leu  
 125 130 135

tgagcattcc ctggcctctc tggctgccac ttggttatgt tgtgtgtgtg cgtgagtgg 615

gtgcaggcgc ggttccttac gcccattgtg tgctgtgtgt gtccaggcac ggttccttac 675

gcccattgtg tgctgtgtgt gtcctgcctg tataatgtggc ttcctctgat gctgacaagg 735

tggggaacaa tccttgccag agtgggctgg gaccagactt tgttctcttc ctcacctgaa 795

attatgcttc ctaaaatctc aagccaaact caaagaatgg ggtggtgggg ggcaccctgt 855

gaggtggccc ctgagaggtg ggggcctctc cagggcacat ctggagtctt tctccagctt 915

accctagggt gaccaagtag ggcctgtcac accagggtgg cgcagcttct tgtgtgatgc 975

agatgtgtcc tggtttcggc agcgtagcca gctgctgctt gaggccatgg ctcgtccccg 1035

gagttggggg taccggttgc agagccaggg acatgatgca ggccaagctt gggatctggc 1095

caagttggac ttgatcctt tgggcagatg tccattgct ccctggagcc tgtcatgcct 1155  
 gttggggatc aggcagcctc ctgatgccag aacacctcag gcagagccct actcagctgt 1215  
 acctgtctgc ctggactgtc ccctgtcccc gcattctccc tgggaccagc tggaggcca 1275  
 catgcacaca cagcctagct gccccagg agctctgctg cccttgctgg ccctgccctt 1335  
 cccacagggtg agcagggtc ctgtccacca gcacactcag ttctcttccc tgcagtgttt 1395  
 tcattttatt ttagccaaac atttgcctg tttctgttt caaacatkat agttgatatg 1455  
 agactgaaac ccctgggttg tggagggaaa ttggctcaga gatggacaac ctggcaactg 1515  
 tgagtcctg ctccccgaca ccagcctcat ggaatatgca acaactcctg taccacagtc 1575  
 cacggtgttc tggcagcagg gacacctggg ccaatgggcc atctggacca aaggtggggt 1635  
 gtggggccct ggatggcagc tctggcccag acatgaatac ctcgtgttcc tctccctct 1695  
 attactgttt caccagagct gtcttagctc aaatctgttg tgtttctgag tctagggtct 1755  
 gtacacttgt ttataataaa tgcaatcgtt tgg 1788

<210> 31

<211> 118

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 31

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu

1 5 10 15

Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu

20 25 30

Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser

35 40 45

Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro

50 55 60

Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln

65 70 75 80

Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr

85 90 95

Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly

100 105 110

Glu Cys Pro Cys Gln Leu

115

<210> 32

<211> 1908

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(444)

<400> 32

gggggaggaa attgaaactg agtggccac gatgggaaga ggggaaagcc caggggtaca 60

ggaggcctct ggggtgaaggc agaggctaac atg ggg ttc gga gcg acc ttg gcc 114

Met Gly Phe Gly Ala Thr Leu Ala

1

5

gtt ggc ctg acc atc ttt gtg ctg tct gtc gtc act atc atc atc tgc 162

Val Gly Leu Thr Ile Phe Val Leu Ser Val Val Thr Ile Ile Ile Cys

10

15

20

ttc acc tgc tcc tgc tgc tgc ctt tac aag acg tgc cgc cga cca cgt 210

Phe Thr Cys Ser Cys Cys Cys Leu Tyr Lys Thr Cys Arg Arg Pro Arg

25

30

35

40

ccg gtt gtc acc acc acc aca tcc acc act gtg gtg cat gcc cct tat 258

Pro Val Val Thr Thr Thr Thr Ser Thr Thr Val Val His Ala Pro Tyr

45

50

55

cct cag cct cca agt gtg ccg ccc agc tac cct gga cca agc tac cag 306

Pro Gln Pro Pro Ser Val Pro Pro Ser Tyr Pro Gly Pro Ser Tyr Gln

60

65

70

ggc tac cac acc atg ccg cct cag cca ggg atg cca gca gca ccc tac 354

Gly Tyr His Thr Met Pro Pro Gln Pro Gly Met Pro Ala Ala Pro Tyr

75

80

85

cca atg cag tac cca cca cct tac cca gcc cag ccc atg ggc cca ccg 402

Pro Met Gln Tyr Pro Pro Pro Tyr Pro Ala Gln Pro Met Gly Pro Pro

90

95

100

gcc tac cac gag acc ctg gct ggt gag tgc ccc tgc caa ctc 444

Ala Tyr His Glu Thr Leu Ala Gly Glu Cys Pro Cys Gln Leu

105

110

115

tagccctgcc cgacttcccg agtctctgcc agcatccctc gggcacccat cccaaactac 504

atcactcaac aggcctctgc ccctttctgc ttgcctgcc ctcacacggc agcccacccat 564

gctcacagcc aaccagggtc ctctctgctt tcaggaggag cagccgcgcc ctaccccgcc 624

agccagcctc cttacaaccc ggcctacatg gatgccccga aggcgccct ctgagcattc 684

cctggcctct ctggctgcc cttggttatg ttgtgtgtgt gcgtgagtgg tgtgcaggcg 744

cggttcctta cgccccatgt gtgctgtgtg tgtccaggca cggttcctta cgccccatgt 804

gtgctgtgtg tgtcctgcct gtatatgtgg cttcctctga tgctgacaag gtggggaaca 864

atccttgcca gagtgggctg ggaccagact ttgttctctt cctcacctga aattatgctt 924

cctaaaatct caagccaaac tcaaagaatg ggggtggtggg gggcaccctg tgaggtggcc 984

cctgagaggt gggggcctct ccagggcaca tctggagttc ttctccagct taccctaggg 1044

tgaccaagta gggcctgtca caccaggggtg ggcgagcttt ctgtgtgatg cagatgtgtc 1104

ctggtttcgg cagcgtagcc agctgctgct tgaggccatg gctcgtcccc ggagttgggg 1164

gtacccgttg cagagccagg gacatgatgc aggcgaagct tgggatctgg ccaagtggga 1224

ctttgatcct ttgggcagat gtcccattgc tccctggagc ctgtcatgcc tgttggggat 1284

caggcagcct cctgatgcc gaacacctca ggcagagccc tactcagctg tacctgtctg 1344

cctggactgt cccctgtccc cgcctctccc ctgggaccag ctggagggcc acatgcacac 1404

acagcctagc tgccccagg gagctctgct gcccttgctg gccctgccct tcccacaggt 1464

gagcagggt cctgtccacc agcacactca gttctcttcc ctgcagtgtt ttcattttat 1524

tttagccaaa cattttgcct gttttctgtt tcaaacatga tagttgatat gagactgaaa 1584

cccctgggtt gtggagggaa attggctcag agatggacaa cctggcaact gtgagtcctt 1644

gcttcccgac accagcctca tggaatatgc aacaactcct gtaccccagt ccacggtgtt 1704

ctggcagcag ggacacctgg gccaatgggc catctggacc aaaggtgggg tgtggggccc 1764

tggatggcag ctctggccca gacatgaata cctcgtgttc ctctccctc tattactgtt 1824

tcaccagagc tgtcttagct caaatctggt gtgtttctga gtctagggtc tgtacacttg 1884

tttataataa atgcaatcgt ttgg 1908

<210> 33

<211> 168

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 33

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro Val Gln

1 5 10 15

Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro Gln Ala

20 25 30

Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr Arg Pro

35 40 45

Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser Ala Ala

50 55 60

Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val Ala Val

65 70 75 80

Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val Gly Pro

85 90 95



Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr Asp Ala

100

105

110

Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro Pro Pro

115

120

125

Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met Gln Gly

130

135

140

Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met Gly Gly

145

150

155

160

Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

165

<210> 34

<211> 1897

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(573)

<400> 34

ctccgaacag gaagaggacg aaaaaaataa ccgtccgcga cgccgagaca aaccggaccc 60

gcaaccacc atg aac agc aaa ggt caa tat cca aca cag cca acc tac cct 111

Met Asn Ser Lys Gly Gln Tyr Pro Thr Gln Pro Thr Tyr Pro

1

5

10

gtg cag cct cct ggg aat cca gta tac cct cag acc ttg cat ctt cct 159

Val Gln Pro Pro Gly Asn Pro Val Tyr Pro Gln Thr Leu His Leu Pro

15

20

25

30

cag gct cca ccc tat acc gat gct cca cct gcc tac tca gag ctc tat 207

Gln Ala Pro Pro Tyr Thr Asp Ala Pro Pro Ala Tyr Ser Glu Leu Tyr

35

40

45

cgt ccg agc ttt gtg cac cca ggg gct gcc aca gtc ccc acc atg tca 255

Arg Pro Ser Phe Val His Pro Gly Ala Ala Thr Val Pro Thr Met Ser

50

55

60

gcc gca ttt cct gga gcc tct ctg tat ctt ccc atg gcc cag tct gtg 303

Ala Ala Phe Pro Gly Ala Ser Leu Tyr Leu Pro Met Ala Gln Ser Val

65

70

75

gct gtt ggg cct tta ggt tcc aca atc ccc atg gct tat tat cca gtc 351

Ala Val Gly Pro Leu Gly Ser Thr Ile Pro Met Ala Tyr Tyr Pro Val

80

85

90

ggt ccc atc tat cca cct ggc tcc aca gtg ctg gtg gaa gga ggg tat 399

Gly Pro Ile Tyr Pro Pro Gly Ser Thr Val Leu Val Glu Gly Gly Tyr

95

100

105

110

gat gca ggt gcc aga ttt gga gct ggg gct act gct ggc aac att cct 447

Asp Ala Gly Ala Arg Phe Gly Ala Gly Ala Thr Ala Gly Asn Ile Pro

115

120

125

cct cca cct cct gga tgc cct ccc aat gct gct cag ctt gca gtc atg 495

Pro Pro Pro Pro Gly Cys Pro Pro Asn Ala Ala Gln Leu Ala Val Met

130

135

140

cag gga gcc aac gtc ctc gta act cag cgg aag ggg aac ttc ttc atg 543

Gln Gly Ala Asn Val Leu Val Thr Gln Arg Lys Gly Asn Phe Phe Met

145

150

155

ggt ggt tca gat ggt ggc tac acc atc tgg tgaggaacca aggccacctc 593

Gly Gly Ser Asp Gly Gly Tyr Thr Ile Trp

160

165

tgtgccggga aagacatcac ataccttcag cacttctcac aatgtaactg ctttagtcat 653

attaacctga agttgcagtt tagacacatg ttgttgggt gtctttctgg tgcccaaact 713

ttcaggcact tttaaattt aataaggaac catgtaatgg tagcagtacc tccctaaagc 773

atattgaggt aggggaggta tccattcata aaatgaatgt gggatgaagcc gccctaagga 833

ttttccttta atttctctgg agtaatactg taccatactg gtctttgctt ttagtaataa 893

aacatcaaat taggtttgga gggaactttg atcttcttaa gaattaaagt tgccaaatta 953

ttctgattgg tctttaatct cctttaagtc ttgatatat attacttggt ataaatggaa 1013

cgcattagtt gtctgccttt tcctttccat ccttgcccc acccatccca tctccaaccc 1073

tagtcttcca tttcctcccg ccagtctcca ttgaatcaat ggtgcaggac agaaagccag 1133

tcagactaat ttccttcttt cctcgcactt ctccccactc gtcattcttt aactagtgtt 1193

tcacaaggat cctctgaaac cctctctgtg cccaagtac agatgccatt acttctgctt 1253

tcgtatctcc tcaggcaaaa gtggagggtg ctttatgggc ctcctcata ggttgtctct 1313

gcatacacga acctaacca aatttgcttt ggtgccagaa aaactgagct atgtttgaac 1373

aaagatgtcg tgcaaaactgt actgtgaaca acagttgggt taaaatatga ggggcaagga 1433

ggaggatgca tttcaaaagc ttgattgatg tgttcagagc taaattaaga ggagttttca 1493

gatcaaaaac tggttaccat ttttgtcag agtgtctgat gcggccactc attcggtctc 1553

ccagaattcc tagactgggt taatagggtc atattgtgaa tgtctcacta caaaatgact 1613

tgagtccagt gaaatctcat tagggtttaa gaatatttca gggatcctta atgttttgat 1673

tttgttttc tgaaattgga ttttatttta ttttatctta taatttcagt tcatctaaat 1733

tgtgtgttct gtacatgtga tgtttgactg taccattgac tgttatggaa gttcagcggt 1793

gtatgtctct ctctacactg tggcgcactt aacttgtgga atttttatac taaaaatgta 1853

gaataaagac tattttgaag atttgaataa agtgatgaag ttgc 1897

<210> 35

<211> 455

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 35

Met Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu

1

5

10

15

Phe Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp

20

25

30

Tyr Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe

35

40

45

Ala Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly

50

55

60

Val Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys

65

70

75

80

Val Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr

85

90

95

Phe Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe

100

105

110

Ser Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly  
115 120 125

Asp Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu  
130 135 140

Gln Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu  
145 150 155 160

Leu Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr  
165 170 175

Phe Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg  
180 185 190

Leu Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala  
195 200 205

Met Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro  
210 215 220

Ser Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly  
225 230 235 240

Ser Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu  
245 250 255

Leu Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys  
260 265 270

Glu Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe  
275 280 285

Leu Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala  
290 295 300

Thr Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr  
305 310 315 320

Arg Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val  
325 330 335

Lys Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile  
340 345 350

Val Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr  
355 360 365

Ala Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala  
370 375 380

Gln Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met  
385 390 395 400

Ser Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu  
405 410 415

Leu Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val

420

425

430

Ser Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala

435

440

445

Pro Glu Lys Gln Met Ala Pro

450

455

<210> 36

<211> 1903

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (116)..(1480)

<400> 36

agtcccggct gcagcacctg ggagaaggca gaccgtgtga gggggcctgt ggccccagcg 60

tgctgtggcc tcggggagtg ggaagtggag gcaggagcct tccttacact tcgcc atg 118

Met

1

agt ttc ctc atc gac tcc agc atc atg att acc tcc cag ata cta ttt 166

Ser Phe Leu Ile Asp Ser Ser Ile Met Ile Thr Ser Gln Ile Leu Phe

5

10

15



ttt gga ttt ggg tgg ctt ttc ttc atg cgc caa ttg ttt aaa gac tat 214  
Phe Gly Phe Gly Trp Leu Phe Phe Met Arg Gln Leu Phe Lys Asp Tyr  
20 25 30

gag ata cgt cag tat gtt gta cag gtg atc ttc tcc gtg acg ttt gca 262  
Glu Ile Arg Gln Tyr Val Val Gln Val Ile Phe Ser Val Thr Phe Ala  
35 40 45

ttt tct tgc acc atg ttt gag ctc atc atc ttt gaa atc tta gga gta 310  
Phe Ser Cys Thr Met Phe Glu Leu Ile Ile Phe Glu Ile Leu Gly Val  
50 55 60 65

ttg aat agc agc tcc cgt tat ttt cac tgg aaa atg aac ctg tgt gta 358  
Leu Asn Ser Ser Ser Arg Tyr Phe His Trp Lys Met Asn Leu Cys Val  
70 75 80

att ctg ctg atc ctg gtt ttc atg gtg cct ttt tac att ggc tat ttt 406  
Ile Leu Leu Ile Leu Val Phe Met Val Pro Phe Tyr Ile Gly Tyr Phe  
85 90 95

att gtg agc aat atc cga cta ctg cat aaa caa cga ctg ctt ttt tcc 454  
Ile Val Ser Asn Ile Arg Leu Leu His Lys Gln Arg Leu Leu Phe Ser  
100 105 110

tgt ctc tta tgg ctg acc ttt atg tat ttc ttc tgg aaa cta gga gat 502  
Cys Leu Leu Trp Leu Thr Phe Met Tyr Phe Phe Trp Lys Leu Gly Asp  
115 120 125

ccc ttt ccc att ctc agc cca aaa cat ggg atc tta tcc ata gaa cag 550

Pro Phe Pro Ile Leu Ser Pro Lys His Gly Ile Leu Ser Ile Glu Gln  
130 135 140 145

ctc atc agc cgg gtt ggt gtg att gga gtg act ctc atg gct ctt ctt 598  
Leu Ile Ser Arg Val Gly Val Ile Gly Val Thr Leu Met Ala Leu Leu  
150 155 160

tct gga ttt ggt gct gtc aac tgc cca tac act tac atg tct tac ttc 646  
Ser Gly Phe Gly Ala Val Asn Cys Pro Tyr Thr Tyr Met Ser Tyr Phe  
165 170 175

ctc agg aat gtg act gac acg gat att cta gcc ctg gaa cgg cga ctg 694  
Leu Arg Asn Val Thr Asp Thr Asp Ile Leu Ala Leu Glu Arg Arg Leu  
180 185 190

ctg caa acc atg gat atg atc ata agc aaa aag aaa agg atg gca atg 742  
Leu Gln Thr Met Asp Met Ile Ile Ser Lys Lys Lys Arg Met Ala Met  
195 200 205

gca cgg aga aca atg ttc cag aag ggg gaa gtg cat aac aaa cca tca 790  
Ala Arg Arg Thr Met Phe Gln Lys Gly Glu Val His Asn Lys Pro Ser  
210 215 220 225

ggt ttc tgg gga atg ata aaa agt gtt acc act tca gca tca gga agt 838  
 Gly Phe Trp Gly Met Ile Lys Ser Val Thr Thr Ser Ala Ser Gly Ser  
 230 235 240

Glu Asn Leu Thr Leu Ile Gln Gln Glu Val Asp Ala Leu Glu Glu Leu

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 245   | 250 | 255 |      |
| agc agg cag ctt ttt ctg gaa aca gct gat cta tat gct acc aag gag |     |     | 934  |
| Ser Arg Gln Leu Phe Leu Glu Thr Ala Asp Leu Tyr Ala Thr Lys Glu |     |     |      |
| 260   | 265 | 270 |      |
| aga ata gaa tac tcc aaa acc ttc aag ggg aaa tat ttt aat ttt ctt |     |     | 982  |
| Arg Ile Glu Tyr Ser Lys Thr Phe Lys Gly Lys Tyr Phe Asn Phe Leu |     |     |      |
| 275   | 280 | 285 |      |
| ggt tac ttt ttc tct att tac tgt gtt tgg aaa att ttc atg gct acc |     |     | 1030 |
| Gly Tyr Phe Phe Ser Ile Tyr Cys Val Trp Lys Ile Phe Met Ala Thr |     |     |      |
| 290   | 295 | 300 | 305  |
| atc aat att gtt ttt gat cga gtt ggg aaa acg gat cct gtc aca aga |     |     | 1078 |
| Ile Asn Ile Val Phe Asp Arg Val Gly Lys Thr Asp Pro Val Thr Arg |     |     |      |
| 310   | 315 | 320 |      |
| ggc att gag atc act gtg aat tat ctg gga atc caa ttt gat gtg aag |     |     | 1126 |
| Gly Ile Glu Ile Thr Val Asn Tyr Leu Gly Ile Gln Phe Asp Val Lys |     |     |      |
| 325   | 330 | 335 |      |
| ttt tgg tcc caa cac att tcc ttc att ctt gtt gga ata atc atc gtc |     |     | 1174 |
| Phe Trp Ser Gln His Ile Ser Phe Ile Leu Val Gly Ile Ile Ile Val |     |     |      |
| 340   | 345 | 350 |      |
| aca tcc atc aga gga ttg ctg atc act ctt acc aag ttc ttt tat gcc |     |     | 1222 |
| Thr Ser Ile Arg Gly Leu Leu Ile Thr Leu Thr Lys Phe Phe Tyr Ala |     |     |      |
| 355   | 360 | 365 |      |

atc tct agc agt aag tcc tcc aat gtc att gtc ctg cta tta gca cag 1270

Ile Ser Ser Ser Lys Ser Ser Asn Val Ile Val Leu Leu Leu Ala Gln

370 375 380 385

ata atg ggc atg tac ttt gtc tcc tct gtg ctg ctg atc cga atg agt 1318

Ile Met Gly Met Tyr Phe Val Ser Ser Val Leu Leu Ile Arg Met Ser

390 395 400

atg cct tta gaa tac cgc acc ata atc act gaa gtc ctt gga gaa ctg 1366

Met Pro Leu Glu Tyr Arg Thr Ile Ile Thr Glu Val Leu Gly Glu Leu

405 410 415

cag ttc aac ttc tat cac cgt tgg ttt gat gtg atc ttc ctg gtc agc 1414

Gln Phe Asn Phe Tyr His Arg Trp Phe Asp Val Ile Phe Leu Val Ser

420 425 430

gct ctc tct agc ata ctc ttc ctc tat ttg gct cac aaa cag gca cca 1462

Ala Leu Ser Ser Ile Leu Phe Leu Tyr Leu Ala His Lys Gln Ala Pro

435 440 445

gag aag caa atg gca cct tgaacttaag cctactacag actgtagag 1510

Glu Lys Gln Met Ala Pro

450 455

gccagtgggtt tcaaaatttta gatataagag ggggggaaaaa tggaaccagg gcctgacatt 1570

ttataaaciaa acaaaatgct atggtagcat ttttcacctt catagcatac tccttccccg 1630

tcaggtgata ctatgaccat gagtagcatc agccagaaca tgagagggag aactaactca 1690

agacaatact cagcagagag catcccgtgt ggatatgagg ctggtgtaga ggcggagagg 1750

agccaagaaa ctaaagggtga aaaatacact ggaactctgg ggcaagacat gtctatggta 1810

gctgagccaa acacgtagga tttccgtttt aaggttcaca tggaaaaggt tatagctttg 1870

ccttgagatt gactcattaa aatcagagac tgt 1903

<210> 37

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 37

Met Ser Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser

1

5

10

15

Ser Ser Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala

20

25

30

Gly Ala Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Pro Ala Ser

35

40

45

Val Ala Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile

50

55

60

Ile Ser Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser  
65 70 75 80

His Tyr Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met  
85 90 95

Met Gly Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala  
100 105 110

Ser Leu Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp  
115 120 125

Lys Ser Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu  
130 135 140

Leu Ser Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu  
145 150 155 160

Thr Leu Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val  
165 170 175

Gln Glu His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp  
180 185 190

Met Glu Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe  
195 200 205

Pro Tyr Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr  
210 215 220

Pro Ala Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu  
225 230 235 240

Ala Glu Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly  
245 250 255

Lys Lys Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg  
260 265 270

Ile Asn Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His  
275 280 285

Gln Ile Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Lys Pro Ser  
290 295 300

Ala Ala Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp  
305 310 315 320

Phe Gln

<210> 38

<211> 1448

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (292)..(1257)

<400> 38

tactgctggc ggctggagcg gagcgcaccg cggcgggtggt gcccagagcg gagcgcagct 60

ccctgccccg cccctcccc tggcctcgc ggcgacggcg gcggtggcgg cttggacgac 120

tcggagagcc gagtgaagac attccacct ggacacctga ccatgtgcct gccctgagca 180

gcgaggccca ccaggcatct ctgttgtggg cagcagggcc aggtcctggt ctgtggaccc 240

tcggcagttg gcaggctccc tctgcagtgg ggtctgggcc tcggccccac c atg tcg 297

Met Ser

1

agc ctc ggc ggt ggc tcc cag gat gcc ggc ggc agt agc agc agc agc 345

Ser Leu Gly Gly Gly Ser Gln Asp Ala Gly Gly Ser Ser Ser Ser Ser

5

10

15

acc aat ggc agc ggt ggc agt ggc agc agt ggc cca aag gca gga gca 393

Thr Asn Gly Ser Gly Gly Ser Gly Ser Ser Gly Pro Lys Ala Gly Ala

20

25

30

gca gac aag agt gca gtg gtg gct gcc gcc gca cca gcc tca gtg gca 441

Ala Asp Lys Ser Ala Val Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ser Val Ala

35

40

45

50

gat gac aca cca ccc ccc gag cgt cgg aac aag agc ggt atc atc agt 489



Asp Asp Thr Pro Pro Pro Glu Arg Arg Asn Lys Ser Gly Ile Ile Ser

55

60

65

gag ccc ctc aac aag agc ctg cgc cgc tcc cgc ccg ctc tcc cac tac 537

Glu Pro Leu Asn Lys Ser Leu Arg Arg Ser Arg Pro Leu Ser His Tyr

70

75

80

tct tct ttt ggc agc agt ggt ggt agt ggc ggt ggc agc atg atg ggc 585

Ser Ser Phe Gly Ser Ser Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Met Met Gly

85

90

95

gga gag tct gct gac aag gcc act gcg gct gca gcc gct gcc tcc ctg 633

Gly Glu Ser Ala Asp Lys Ala Thr Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Leu

100

105

110

ttg gcc aat ggg cat gac ctg gcg gcg gcc atg gcg gtg gac aaa agc 681

Leu Ala Asn Gly His Asp Leu Ala Ala Ala Met Ala Val Asp Lys Ser

115

120

125

130

aac cct acc tca aag cac aaa agt ggt gct gtg gcc agc ctg ctg agc 729

Asn Pro Thr Ser Lys His Lys Ser Gly Ala Val Ala Ser Leu Leu Ser

135

140

145

aag gca gag cgg gcc acg gag ctg gca gcc gag gga cag ctg acg ctg 777

Lys Ala Glu Arg Ala Thr Glu Leu Ala Ala Glu Gly Gln Leu Thr Leu

150

155

160

cag cag ttt gcg cag tcc aca gag atg ctg aag cgc gtg gtg cag gag 825

Gln Gln Phe Ala Gln Ser Thr Glu Met Leu Lys Arg Val Val Gln Glu

165

170

175

cat ctc ccg ctg atg agc gag gcg ggt gct ggc ctg cct gac atg gag 873

His Leu Pro Leu Met Ser Glu Ala Gly Ala Gly Leu Pro Asp Met Glu

180

185

190

gct gtg gca ggt gcc gaa gcc ctc aat ggc cag tcc gac ttc ccc tac 921

Ala Val Ala Gly Ala Glu Ala Leu Asn Gly Gln Ser Asp Phe Pro Tyr

195

200

205

210

ctg ggc gct ttc ccc atc aac cca ggc ctc ttc att atg acc ccg gca 969

Leu Gly Ala Phe Pro Ile Asn Pro Gly Leu Phe Ile Met Thr Pro Ala

215

220

225

ggt gtg ttc ctg gcc gag agc gcg ctg cac atg gcg ggc ctg gct gag 1017

Gly Val Phe Leu Ala Glu Ser Ala Leu His Met Ala Gly Leu Ala Glu

230

235

240

tac ccc atg cag gga gag ctg gcc tct gcc atc agc tcc ggc aag aag 1065

Tyr Pro Met Gln Gly Glu Leu Ala Ser Ala Ile Ser Ser Gly Lys Lys

245

250

255

aag cgg aaa cgc tgc ggc atg tgc gcg ccc tgc cgg cgg cgc atc aac 1113

Lys Arg Lys Arg Cys Gly Met Cys Ala Pro Cys Arg Arg Arg Ile Asn

260

265

270

tgc gag cag tgc agc agt tgt agg aat cga aag act ggc cat cag att 1161

Cys Glu Gln Cys Ser Ser Cys Arg Asn Arg Lys Thr Gly His Gln Ile

275

280

285

290

tgc aaa ttc aga aaa tgt gag gaa ctc aaa aag aag cct tcc gct gct 1209

Cys Lys Phe Arg Lys Cys Glu Glu Leu Lys Lys Lys Pro Ser Ala Ala

295 300 305

ctg gag aag gtg atg ctt ccg acg gga gcc gcc ttc cgg tgg ttt cag 1257

Leu Glu Lys Val Met Leu Pro Thr Gly Ala Ala Phe Arg Trp Phe Gln

310 315 320

tgacggcggc ggaacccaaa gctgccctct ccgtgcaatg tcaactgctcg tgtggtctcc 1317

agcaagggat tcgggcgaag acaaacggat gcacccgtct ttagaaccaa aaatattctc 1377

tcacagattt cattcctgtt tttatatata tattttttgt tgtcgtttta acatctccac 1437

gtccctagca t 1448

<210> 39

<211> 313

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 39

Met Ala Gly Gln Pro Gly His Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn

1 5 10 15

Leu Cys His Thr Leu Gly Pro Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His

20 25 30

Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu

35

40

45

Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys

50

55

60

Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu

65

70

75

80

Met Met Asp Ala Lys Ala Arg Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu

85

90

95

Leu Lys Gln Leu Asn His Pro Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe

100

105

110

Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly

115

120

125

Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile

130

135

140

Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val

145

150

155

160

Glu His Met His Ser Arg Arg Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala

165

170

175

Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly

180

185

190

Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val

195

200

205

Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr

210

215

220

Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met

225

230

235

240

Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser

245

250

255

Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu

260

265

270

His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro

275

280

285

Asp Pro His Gln Arg Pro Asp Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys

290

295

300

Gln Met His Ile Trp Met Ser Ser Thr

305

310

<210> 40

<211> 1597

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (153)..(1091)

<400> 40

ggcggaaccg agctgacggg cgtgcggccg ctgcgccgca aactcgtgtg ggacgcaccg 60

ctccagccgc ccgcgggcca gcgcaccggt cccccagcgg cagccgagcc cgcccgcgcg 120

ccgttcgtgc cctcgtgagg ctggcatgca gg atg gca gga cag ccc ggc cac 173

Met Ala Gly Gln Pro Gly His

1

5

atg ccc cat gga ggg agt tcc aac aac ctc tgc cac acc ctg ggg cct 221

Met Pro His Gly Gly Ser Ser Asn Asn Leu Cys His Thr Leu Gly Pro

10

15

20

gtg cat cct cct gac cca cag agg cat ccc aac acg ctg tct ttt cgc 269

Val His Pro Pro Asp Pro Gln Arg His Pro Asn Thr Leu Ser Phe Arg

25

30

35

tgc tcg ctg gcg gac ttc cag atc gaa aag aag ata ggc cga gga cag 317

Cys Ser Leu Ala Asp Phe Gln Ile Glu Lys Lys Ile Gly Arg Gly Gln

40

45

50

55

ttc agc gag gtg tac aag gcc acc tgc ctg ctg gac agg aag aca gtg 365

Phe Ser Glu Val Tyr Lys Ala Thr Cys Leu Leu Asp Arg Lys Thr Val

60

65

70

gct ctg aag aag gtg cag atc ttt gag atg atg gac gcc aag gcg agg 413

Ala Leu Lys Lys Val Gln Ile Phe Glu Met Met Asp Ala Lys Ala Arg

75

80

85

cag gac tgt gtc aag gag atc ggc ctc ttg aag caa ctg aac cac cca 461

Gln Asp Cys Val Lys Glu Ile Gly Leu Leu Lys Gln Leu Asn His Pro

90

95

100

aat atc atc aag tat ttg gac tcg ttt atc gaa gac aac gag ctg aac 509

Asn Ile Ile Lys Tyr Leu Asp Ser Phe Ile Glu Asp Asn Glu Leu Asn

105

110

115

att gtg ctg gag ttg gct gac gca ggg gac ctc tcg cag atg atc aag 557

Ile Val Leu Glu Leu Ala Asp Ala Gly Asp Leu Ser Gln Met Ile Lys

120

125

130

135

tac ttt aag aag cag aag cgg ctc atc ccg gag agg aca gta tgg aag 605

Tyr Phe Lys Lys Gln Lys Arg Leu Ile Pro Glu Arg Thr Val Trp Lys

140

145

150

tac ttt gtg cag ctg tgc agc gcc gtg gag cac atg cat tca cgc cgg 653

Tyr Phe Val Gln Leu Cys Ser Ala Val Glu His Met His Ser Arg Arg

155

160

165

gtg atg cac cga gac atc aag cct gcc aac gtg ttc atc aca gcc acg 701

Val Met His Arg Asp Ile Lys Pro Ala Asn Val Phe Ile Thr Ala Thr

170

175

180

ggc gtc gtg aag ctc ggt gac ctt ggt ctg ggc cgc ttc ttc agc tct 749

Gly Val Val Lys Leu Gly Asp Leu Gly Leu Gly Arg Phe Phe Ser Ser

185

190

195

gag acc acc gca gcc cac tcc cta gtg ggg acg ccc tac tac atg tca 797

Glu Thr Thr Ala Ala His Ser Leu Val Gly Thr Pro Tyr Tyr Met Ser

200

205

210

215

ccg gag agg atc cat gag aac ggc tac aac ttc aag tcc gac atc tgg 845

Pro Glu Arg Ile His Glu Asn Gly Tyr Asn Phe Lys Ser Asp Ile Trp

220

225

230

tcc ttg ggc tgt ctg ctg tac gag atg gca gcc ctc cag agc ccc ttc 893

Ser Leu Gly Cys Leu Leu Tyr Glu Met Ala Ala Leu Gln Ser Pro Phe

235

240

245

tat gga gat aag atg aat ctc ttc tcc ctg tgc cag aag atc gag cag 941

Tyr Gly Asp Lys Met Asn Leu Phe Ser Leu Cys Gln Lys Ile Glu Gln

250

255

260

tgt gac tac ccc cca ctc ccc ggg gag cac tac tcc gag aag tta cga 989

Cys Asp Tyr Pro Pro Leu Pro Gly Glu His Tyr Ser Glu Lys Leu Arg

265

270

275

gaa ctg gtc agc atg tgc atc tgc cct gac ccc cac cag aga cct gac 1037

Glu Leu Val Ser Met Cys Ile Cys Pro Asp Pro His Gln Arg Pro Asp

280

285

290

295



atc gga tac gtg cac cag gtg gcc aag cag atg cac atc tgg atg tcc 1085  
Ile Gly Tyr Val His Gln Val Ala Lys Gln Met His Ile Trp Met Ser

300

305

310

agc acc tgagcgtgga tgcaccgtgc cttatcaaag ccagcaccac tttgccttac 1141  
Ser Thr

ttgagtcgtc ttctcttcga gtggccacct ggtagcctag aacagctaag accacagggt 1201

tcagcagggt ccccaaaagg ctgccagcc ttacagcaga tgctgaaggc agagcagctg 1261

agggaggggc gctggccaca tgtcactgat ggtagattc caaagtcctt tctttatact 1321

gttgtggaca atctcagctg ggtcaataag ggcagggtgt tcagcgagcc acggcagccc 1381

cctgtatctg gattgtaatg tgaatcttta gggtaattcc tccagtgacc tgtcaaggct 1441

tatgctaaca ggagacttgc aggagaccgt gtgatttgtg tagtgagcct ttgaaaatgg 1501

ttagtaccgg gttcagttta gttcttggtg tcttttcaat caagctgtgt gcttaattta 1561

ctctgttgta aagggataaa gtggaaatca tttttt 1597

<210> 41

<211> 371

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 41

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro

1 5 10 15

Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr

20 25 30

Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln

35 40 45

Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr

50 55 60

Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro

65 70 75 80

Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln

85 90 95

Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn

100 105 110

Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro

115 120 125

Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn

130 135 140

Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala  
145 150 155 160

Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr  
165 170 175

Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe  
180 185 190

Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe  
195 200 205

Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His  
210 215 220

Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr  
225 230 235 240

Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met  
245 250 255

Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser  
260 265 270

Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val  
275 280 285

Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg  
290 295 300

Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe  
305 310 315 320

Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln  
325 330 335

Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr  
340 345 350

Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg  
355 360 365

Ala Lys Glu  
370

<210> 42

<211> 1781

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (91)..(1203)

<400> 42

attggccatc accgcgcggc cgcgcagcgg acaccgtgcg taccggcctg cggcgccccgg 60

ccaccggggc ggaccgcgga acccgaggcc atg tcc cat gaa aag agt ttt ttg 114

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu

1

5

gtg tct ggg gac aac tat cct ccc ccc aac cct gga tat ccg ggg ggg 162

Val Ser Gly Asp Asn Tyr Pro Pro Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly

10

15

20

ccc cag cca ccc atg ccc ccc tat gct cag cct ccc tac cct ggg gcc 210

Pro Gln Pro Pro Met Pro Pro Tyr Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala

25

30

35

40

cct tac cca cag ccc cct ttc cag ccc tcc ccc tac ggt cag cca ggg 258

Pro Tyr Pro Gln Pro Pro Phe Gln Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly

45

50

55

tac ccc cat ggc ccc agc ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggt 306

Tyr Pro His Gly Pro Ser Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly

60

65

70

ccc tac ccc caa ggg ggc tac cca cag ggc ccc tac cca caa gag ggc 354

Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly

75

80

85

tac cca cag ggc ccc tac ccc caa ggg ggc tac ccc cag ggg cca tat 402

Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr

90

95

100

ccc cag agc ccc ttc ccc ccc aac ccc tat gga cag cca cag gtc ttc 450

Pro Gln Ser Pro Phe Pro Pro Asn Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe  
105 110 115 120

cca gga caa gac cct gac tca ccc cag cat gga aac tac cag gag gag 498  
Pro Gly Gln Asp Pro Asp Ser Pro Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu  
125 130 135

ggt ccc cca tcc tac tat gac aac cag gac ttc cct gcc acc aac tgg 546  
Gly Pro Pro Ser Tyr Tyr Asp Asn Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp  
140 145 150

gat gac aag agc atc cga cag gcc ttc atc cgc aag gtg ttc cta gtg 594  
Asp Asp Lys Ser Ile Arg Gln Ala Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val  
155 160 165

ctg acc ttg cag ctg tcg gtg acc ctg tcc acg gtg tct gtg ttc act 642  
Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr  
170 175 180

ttt gtt gcg gag gtg aag ggc ttt gtc cgg gag aat gtc tgg acc tac 690  
Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr  
185 190 195 200

tat gtc tcc tat gct gtc ttc ttc atc tct ctc atc gtc ctc agc tgt 738  
Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys  
205 210 215

tgt ggg gac ttc cgg cga aag cac ccc tgg aac ctt gtt gca ctg tcg 786  
Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 220   | 225 | 230 |      |
| gtc ctg acc gcc agc ctg tcg tac atg gtg ggg atg atc gcc agc ttc |     |     | 834  |
| Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe |     |     |      |
| 235   | 240 | 245 |      |
| tac aac acc gag gca gtc atc atg gcc gtg ggc atc acc aca gcc gtc |     |     | 882  |
| Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val |     |     |      |
| 250   | 255 | 260 |      |
| tgc ttc acc gtc gtc atc ttc tcc atg cag acc cgc tac gac ttc acc |     |     | 930  |
| Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr |     |     |      |
| 265   | 270 | 275 | 280  |
| tca tgc atg ggc gtg ctc ctg gtg agc atg gtg gtg ctc ttc atc ttc |     |     | 978  |
| Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe |     |     |      |
| 285   | 290 | 295 |      |
| gcc att ctc tgc atc ttc atc cgg aac cgc atc ctg gag atc gtg tac |     |     | 1026 |
| Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr |     |     |      |
| 300   | 305 | 310 |      |
| gcc tca ctg ggc gct ctg ctc ttc acc tgc ttc ctc gca gtg gac acc |     |     | 1074 |
| Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr |     |     |      |
| 315   | 320 | 325 |      |
| cag ctg ctg ctg ggg aac aag cag ctg tcc ctg agc cca gaa gag tat |     |     | 1122 |
| Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr |     |     |      |
| 330   | 335 | 340 |      |

gtg ttt gct gcg ctg aac ctg tac aca gac atc atc aac atc ttc ctg 1170

Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu

345

350

355

360

tac atc ctc acc atc att ggc cgc gcc aag gag tagccgagct ccagctcgct 1223

Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg Ala Lys Glu

365

370

gtgcccgcctc aggtggcacg gctggcctgg accctgcccc tggcacggca gtgccagctg 1283

tacttcccct ctctcttgct cccaggcaca gcctagggaa aaggatgcct ctctccaacc 1343

ctcctgtatg tacactgcag atacttccat ttggaccgcg tgtggccaca gcatggcccc 1403

tttagtcctc ccgccccgc caaggggcag caaggccacg tttccgtgcc acctcctgtc 1463

tactcattgt tgcatgagcc ctgtctgcca gcccacccca gggactgggg gcagcaccag 1523

gtcccgggga gagggattga gccaagaggt gaggggtgcac gtcttcctc ctgtcccagc 1583

tccccagcct ggcgtagagc acccctcccc tccccccac cccctggag tgctgccctc 1643

tggggacatg cggagtgggg gtcttatccc tgtgctgagc cctgagggca gagaggatgg 1703

catgtttcag gggaggggga agccttcctc tcaatttggt gtcagtga aa ttccaataaa 1763

tgggatttgc tctctgcc

1781



<210> 43

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 43

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35

40

45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100

105

110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

|   |     |     |
|---|-----|-----|
| 115   | 120 | 125 |
| Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln |     |     |
| 130   | 135 | 140 |
| Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala |     |     |
| 145   | 150 | 155 |
|   |     | 160 |
| Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala |     |     |
| 165   | 170 | 175 |
| Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val |     |     |
| 180   | 185 | 190 |
| Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu |     |     |
| 195   | 200 | 205 |
| Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser |     |     |
| 210   | 215 | 220 |
| Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr |     |     |
| 225   | 230 | 235 |
|   |     | 240 |
| His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly |     |     |
| 245   | 250 | 255 |
| Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly |     |     |
| 260   | 265 | 270 |

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala  
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr  
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn  
305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu  
325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly  
340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala  
355 360 365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu  
370 375 380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Glu Asn  
385 390

<210> 44

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 44

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298

Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu

70

75

80

cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346

Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu

85

90

95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394

Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala

100

105

110

115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442

Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly

120

125

130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490

Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val

135

140

145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538

Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe

150

155

160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586

Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val

165

170

175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His

180

185

190

195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682

Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr

200

205

210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730

Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu

215

220

225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778

Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr

230

235

240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826

Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile

245

250

255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874

Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu

260

265

270

275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922

Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu

280

285

290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970

Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn

295

300

305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310

315

320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325

330

335

ggt gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340

345

350

355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360

365

370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag gag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Glu Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct cccctccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctccc cgcttcctga cctctgaaga ggttgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438

ccctgccaaag gcgacaggga gggtcagagg gaggccggct gcttcctgcc cccacccttt 1498

ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtgcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558

tgtgctttca cctctgcctc atctttcctc ccgtccctgc ccgcccacct ccccaaagaa 1618

ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678

ccctagtgtc ccttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738

atctcgtcct ctgtcccca cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798

ctgccattct taaccaaggc agccccaagc ctcttgggga ggcagggcaa aaacagggtc 1858

cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgtct ctatggtggt tgaggagaaa ggcggggaag 1918

cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgtc 1978

gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattcccctt gcagttaggg 2038

gaggccctac tgccttctca aagcagagag gcagcttatt aaactcagcc caaaactctg 2098

tttacatggg tggggagatg gagcaggga gtacagagtg ggatggtcag gacctgggcc 2158

attgcaacca aaatggggac ttcctgggta gggagggtcac tccctctact cactgagcta 2218

ggattagga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggagggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaagagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338



accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 45

<211> 393

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 45

Met Ser Asp Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala

1

5

10

15

Ser Ser Pro Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro

20

25

30

Ala Ala Ser Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu

35

40

45

Arg Cys Leu Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu

50

55

60

Gln Ser Arg Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr

65

70

75

80

Leu Arg Leu Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg

85

90

95

Gln Gly Leu Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met

100

105

110

Glu Gly Ala Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg

115

120

125

Lys Ala Gly Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln

130

135

140

Glu Glu Val Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala

145

150

155

160

Met Thr Phe Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala

165

170

175

Tyr Met Val Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val

180

185

190

Leu Val His Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu

195

200

205

Cys Arg Thr Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser

210

215

220

Lys His Glu Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr

225

230

235

240

His Thr Thr Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly

245

250

255

Val Asp Ile Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly  
260 265 270

Tyr Asn Leu Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala  
275 280 285

Asn Leu Leu Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr  
290 295 300

Trp Trp Asn Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn  
305 310 315 320

Arg Ala Val Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu  
325 330 335

Leu Val Ser Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly  
340 345 350

His Ile Lys Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala  
355 360 365

Asp Ala Met Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu  
370 375 380

Leu Val Pro Gly Pro Glu Lys Gln Asn  
385 390

<210> 46

<211> 2396

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(1228)

<400> 46

agctgtgcac tctccatcca gctgtgcgct ctcgtcggga gtcccagcc atg tcc gac 58

Met Ser Asp

1

gag aga gag gta gcc gag gca gcg acc ggg gaa gac gcc tct tcg ccg 106

Glu Arg Glu Val Ala Glu Ala Ala Thr Gly Glu Asp Ala Ser Ser Pro

5

10

15

cct ccg aaa acc gag gca gcg agc gac ccc cag cat ccc gcg gcc tcc 154

Pro Pro Lys Thr Glu Ala Ala Ser Asp Pro Gln His Pro Ala Ala Ser

20

25

30

35

gaa ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc tcg ccg cca ctg ctg cgc tgc cta 202

Glu Gly Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ser Pro Pro Leu Leu Arg Cys Leu

40

45

50

gtg ctc acc ggc ttt gga ggc tac gac aag gtg aag ctg cag agc cgg 250

Val Leu Thr Gly Phe Gly Gly Tyr Asp Lys Val Lys Leu Gln Ser Arg

55

60

65

ccg gca gcg ccc ccg gcc cct ggg ccc ggc cag ctg acg ctg cgt ctg 298  
 Pro Ala Ala Pro Pro Ala Pro Gly Pro Gly Gln Leu Thr Leu Arg Leu  
 70 75 80

cgg gcc tgc ggg ctc aac ttc gca gac ctc atg gct agg cag ggg ctg 346  
 Arg Ala Cys Gly Leu Asn Phe Ala Asp Leu Met Ala Arg Gln Gly Leu  
 85 90 95

tac gac cgt ctc ccg cct ctg cct gtc act ccg ggc atg gag ggc gcg 394  
 Tyr Asp Arg Leu Pro Pro Leu Pro Val Thr Pro Gly Met Glu Gly Ala  
 100 105 110 115

ggt gtt gtg atc gca gtg ggc gag gga gtc agc gac cgc aag gca gga 442  
 Gly Val Val Ile Ala Val Gly Glu Gly Val Ser Asp Arg Lys Ala Gly  
 120 125 130

gac cgg gtg atg gtg ttg aac cgg tca ggg atg tgg cag gaa gag gtg 490  
 Asp Arg Val Met Val Leu Asn Arg Ser Gly Met Trp Gln Glu Glu Val  
 135 140 145

act gtg ccc tcg gtc cag acc ttc ctg att cct gag gcc atg acc ttt 538  
 Thr Val Pro Ser Val Gln Thr Phe Leu Ile Pro Glu Ala Met Thr Phe  
 150 155 160

gag gaa gct gct gcc ttg ctc gtc aat tac att aca gcc tac atg gtc 586  
 Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Val Asn Tyr Ile Thr Ala Tyr Met Val  
 165 170 175

ctc ttt gac ttc ggc aac cta cag cct ggc cac agc gtc ttg gta cac 634

Leu Phe Asp Phe Gly Asn Leu Gln Pro Gly His Ser Val Leu Val His  
180 185 190 195

atg gct gca ggg ggt gtg ggt atg gct gcc gtg cag ctg tgc cgt aca 682  
Met Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ala Ala Val Gln Leu Cys Arg Thr  
200 205 210

gtg gag aat gtg aca gtg ttc gga acg gcc tcg gcc agc aag cac gag 730  
Val Glu Asn Val Thr Val Phe Gly Thr Ala Ser Ala Ser Lys His Glu  
215 220 225

gca ctg aag gag aat ggg gtc aca cat ccc atc gac tat cac acg act 778  
Ala Leu Lys Glu Asn Gly Val Thr His Pro Ile Asp Tyr His Thr Thr  
230 235 240

gac tac gtg gat gag atc aag aag att tcc cct aaa gga gtg gac att 826  
Asp Tyr Val Asp Glu Ile Lys Lys Ile Ser Pro Lys Gly Val Asp Ile  
245 250 255

gtc atg gac cct ctg ggt ggg tca gat act gcc aag ggc tac aac ctc 874  
Val Met Asp Pro Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Lys Gly Tyr Asn Leu  
260 265 270 275

ctg aaa ccc atg ggc aaa gtc gtc acc tat gga atg gcc aac ctg ctg 922  
Leu Lys Pro Met Gly Lys Val Val Thr Tyr Gly Met Ala Asn Leu Leu  
280 285 290

acg ggc ccc aaa cgg aac ctg atg gcc ctg gcc cgg aca tgg tgg aat 970  
Thr Gly Pro Lys Arg Asn Leu Met Ala Leu Ala Arg Thr Trp Trp Asn

295

300

305

cag ttc agc gtg aca gct ctg cag ctg ctg cag gcc aac cgg gct gtg 1018

Gln Phe Ser Val Thr Ala Leu Gln Leu Leu Gln Ala Asn Arg Ala Val

310

315

320

tgt ggc ttc cac ctg ggc tac ctg gat ggt gag gtg gag ctg gtc agt 1066

Cys Gly Phe His Leu Gly Tyr Leu Asp Gly Glu Val Glu Leu Val Ser

325

330

335

ggt gtg gtg gcc cgc ctc ctg gct ctg tac aac cag ggc cac atc aag 1114

Gly Val Val Ala Arg Leu Leu Ala Leu Tyr Asn Gln Gly His Ile Lys

340

345

350

355

ccc cac att gac tca gtc tgg ccc ttc gag aag gtg gct gat gcc atg 1162

Pro His Ile Asp Ser Val Trp Pro Phe Glu Lys Val Ala Asp Ala Met

360

365

370

aaa cag atg cag gag aag aag aat gtg ggc aag gtc ctc ctg gtt cca 1210

Lys Gln Met Gln Glu Lys Lys Asn Val Gly Lys Val Leu Leu Val Pro

375

380

385

ggg cca gag aag cag aac tagggcaagt ggctgtgaga ccctagagac 1258

Gly Pro Glu Lys Gln Asn

390

cagcgaaggg agaagttggg aagctacgtt ctgttggcca ccagacttgc atttcagcct 1318

ctgtcataat gctctgccct cccctccccg aagttctctg tggatgatgac cgctctcccc 1378

tgccccctccc cgcttcctga cctctgaaga gggtgggaag tgaccatttg gatgtctggg 1438  
 ccctgccaaag gcgacaggga gggtcagagg gaggccggct gcttcctgcc cccacccttt 1498  
 ccccgggcct gctgtgctgc ttttgtgcca aggttagcca gtccccctg ttgtgttcca 1558  
 tgtgctttca cctctgcctc atctttcctc ccgtccctgc cccgccacct ccccaaagaa 1618  
 ttgaaacgtc agctcaggat atggggccaa tctctgtgag tccagcatgt acctgtctct 1678  
 ccctagtgtc ccttcagcct gggctgacca gtgcccgcct ctgggcttga ccagttccca 1738  
 atctcgctct ctgtccccaa cttcttaagc acaattgggc ttcttccatc tccaggtttt 1798  
 ctgccattct taaccaaggc agccccaagc ctcttgggga ggcagggcaa aaacagggtc 1858  
 cctcatcgtg gtctgtgcca tgtcccgtct ctatggtggt tgaggagaaa ggcgggggaag 1918  
 cttcctcagc cttgcagata tgtgtggcat ttactagcca gagctctgaa aggcagtgtc 1978  
 gtctgtttct tgtactggga ccaaagtaaa aatccaagca cattcccctt gcagttaggg 2038  
 gaggccctac tgcctttctca aagcagagag gcagcttata aaactcagcc caaaactctg 2098  
 ttacatggg tggggagatg gagcaggga gtacagagtg ggatggtcag gacctgggcc 2158  
 attgcaacca aaatggggac ttcctgggta gggaggtcac tccctctact cactgagcta 2218



ggattagga gggttattgc cccaaccatt gcaatgggag gtggaggac aggctcagcc 2278

tcctcattgt ctaaagagg cctaaatgtg tgaagtgcga tttctgcttt tgtgtacccc 2338

accaccccat taccacagct gcctttgtgt gtttgtgtca ataaaaagcc aaaccctg 2396

<210> 47

<211> 138

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 47

Met Ile Ser Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly

1

5

10

15

Phe Gly Val Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys

20

25

30

Ala Leu Leu Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe

35

40

45

Val Ile Gly Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys

50

55

60

Met Lys Ala Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile

65

70

75

80

Gly Trp Pro Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu

85

90

95

Leu Phe Arg Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val

100

105

110

Pro Val Leu Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val

115

120

125

Asp Lys Val Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

130

135

<210> 48

<211> 2976

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110)..(523)

<400> 48

agacgtggcg gctctgcct gggctgttc ccgcttcat ttctcccgac tcagcttccc 60

accctgggct ttccgaggtg ctgtcgccgc tgtccccacc actgcagcc atg atc tcc 118

Met Ile Ser

1

tta acg gac acg cag aaa att gga atg gga tta aca gga ttt gga gtg 166

Leu Thr Asp Thr Gln Lys Ile Gly Met Gly Leu Thr Gly Phe Gly Val

5

10

15

ttt ttc ctg ttc ttt gga atg att ctc ttt ttt gac aaa gca cta ctg 214

Phe Phe Leu Phe Phe Gly Met Ile Leu Phe Phe Asp Lys Ala Leu Leu

20

25

30

35

gct att gga aat gtt tta ttt gta gcc ggc ttg gct ttt gta att ggt 262

Ala Ile Gly Asn Val Leu Phe Val Ala Gly Leu Ala Phe Val Ile Gly

40

45

50

tta gaa aga aca ttc aga ttc ttc ttc caa aaa cat aaa atg aaa gct 310

Leu Glu Arg Thr Phe Arg Phe Phe Phe Gln Lys His Lys Met Lys Ala

55

60

65

aca ggt ttt ttt ctg ggt ggt gta ttt gta gtc ctt att ggt tgg cct 358

Thr Gly Phe Phe Leu Gly Gly Val Phe Val Val Leu Ile Gly Trp Pro

70

75

80

ttg ata ggc atg atc ttc gaa att tat gga ttt ttt ctc ttg ttc agg 406

Leu Ile Gly Met Ile Phe Glu Ile Tyr Gly Phe Phe Leu Leu Phe Arg

85

90

95

ggc ttc ttt cct gtc gtt gtt ggc ttt att aga aga gtg cca gtc ctt 454

Gly Phe Phe Pro Val Val Val Gly Phe Ile Arg Arg Val Pro Val Leu

100

105

110

115

gga tcc ctc cta aat tta cct gga att aga tca ttt gta gat aaa gtt 502

Gly Ser Leu Leu Asn Leu Pro Gly Ile Arg Ser Phe Val Asp Lys Val

120

125

130

gga gaa agc aac aat atg gta taacaacaag tgaatttgaa gactcattta 553

Gly Glu Ser Asn Asn Met Val

135

aaatattgtg ttattttataa agtcatttga agaattattca gcacaaaatt aaattacatg 613

aaatagcttg taatgttctt tacaggagtt taaaacgtat agcctacaaa gtaccagcag 673

caaattagca aagaagcagt gaaaacaggc ttctactcaa gtgaactaag aagaagtcag 733

caagcaaact gagagaggtg aaatccatgt taatgatgct taagaaactc ttgaaggcta 793

tttgtgttgt ttttccacaa tgtgcgaaac tcagccatcc ttagagaact gtgggtgcctg 853

tttcttttct ttttattttg aaggctcagg agcatccata ggcatttgct ttttagaaat 913

gtccactgca atggcaaaaa tatttccagt tgcactgtat ctctggaagt gatgcatgaa 973

ttcgattgga ttgtgtcatt ttaaagtatt aaaaccaagg aaacccaat tttgatgtat 1033

ggattacttt tttttgtaaa catgggttaa ataaaacttc tgtggttctt ctgaatctta 1093

atatttcaaa gccaggtgaa aatctgaact agatattctt tgttggaata tgcaaaggtc 1153

attctttact aacttttagt tactaaatta tagctaagtt ttgtcagcag catactccgg 1213

aaagtctcat acttcttggg agtctgcct cctaagtatc tgtctatata attcattacg 1273

tgtaagtatt taacaaaaaa gcattcttga ccatgaatga agtagtttgt ttcatagctt 1333

gtctcattga atagtattat tgaagatact aaatgatgca aaccaaattg attttttcca 1393

tgatcatgat taatttttct ttcttcttct ttttttttaa attttagcag tggcttatta 1453

tttgtttttc ataaattaaa ataacttttg ataatgttta cttaagaca tgtaacatgt 1513

taaaaggtta aacttatggc tgtttttaaa gggctattca ttaaatctga gttttccctt 1573

attttcagct ttttcctagc atataatagt cattaagcat gacatatect tcatatgac 1633

actcatcttg agttaattag aaaataacctg agttcacgtg cttaaagtcac ttcactgtta 1693

taaactgact atggtttctt aagaacatga cactaaaaaa aaagtgggtt ttttccaccg 1753

ttgctgatta ttagacagta ggaaatagct gttttcttta gttttacaag atgtgacagc 1813

tttagtggtg gatgtaggga aacatttcaa cagccatagt actatttggt ttaccactga 1873

ttgcactgtt ttgttttttt aacagttgca aagcttttta atgcataaaa gtataattga 1933

aatctgtggt atttatttac aaacatgtct acaaaaatag attacagctt attttatttt 1993

tagttaaatc tcttaataca cagagaactc ccaatcttgc tcatctaaat aaggaaagac 2053

ttgggtgtata gtgtgatggt ttagtcttaa ggattaagac atttttggta cttgcatttg 2113

acttacgatg tatctgtgaa aatgggatga tattgacaaa tggagactcc tacctcaata 2173

gttaatggaa taataagagg ctactgttgt gtctaattgtt cttcaaaaaa gtaatatcct 2233

cacttggaga gtgtcaaata catactttga ggattgactt tatataaggt gccctgtaga 2293

actctgttac acatatTTTT gacccatatt atttacaatg tcttgataat tctacctttt 2353

tagagcaaga atagtatctg ctaatgtaag ggacatctgt atttaactcc tttgtagaca 2413

tgaatttcta tcaaaatggt ctttgcactg taacagagat tccttttttc aataatctta 2473

attcaaaagc attattagac ttgaaagggt ttgataatct ccagtcctt agtaaagatt 2533

gagagaggct ggagcagttt tcagttttta atgagctgc agttaatatt aaatgtgagt 2593

ttgggactgc ctggcaacat ttatatTTTt tattcagaac ccttgatgag actatTTTTa 2653

aacatactag tctgctgata gaaagcacta tacatcctat tgTTTctttc tttccaaaat 2713

cagccttctg tctgtaacaa aaatgtactt tatagagatg gaggaaaagg tctaatacta 2773

catagcctta agtgTTTctg tcattgttca agtgtatTTt ctgtaacaga aacatatTTg 2833

gaatgTTTTt cTTTTccct tataaattgt aattcctgaa atactgctgc tttaaaaagt 2893

cccactgtca gattatatta tctaacaatt gaatattgta aatatacttg tcttacctct 2953

caataaaagg gtactTTTct att 2976

<210> 49

<211> 359

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 49

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe

1 5 10 15

His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln

20 25 30

Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val

35 40 45

Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro

50 55 60

Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met

65 70 75 80

Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile

85 90 95

Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser

100 105 110

Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu  
115 120 125

His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp  
130 135 140

Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg  
145 150 155 160

Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His  
165 170 175

Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr  
180 185 190

Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu  
195 200 205

Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro  
210 215 220

Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile  
225 230 235 240

Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser  
245 250 255

Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser  
260 265 270



Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe

275

280

285

Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His

290

295

300

Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met

305

310

315

320

Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser

325

330

335

Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser

340

345

350

Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

355

<210> 50

<211> 2636

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (327)..(1403)

<400> 50

cttcaaagca gtcagcaagg tggcaagttg caaaagagct ttatcaaact gaaagtaatt 60

atgttaatat attggcaaca attattcagt tatttcaagt accattggaa gaggaaggac 120

aacgtggtgg acctatcctt gcaccagagg agattaagac tatttttggg agcatcccag 180

atatctttga tgtacacact aagataaagg atgatcttga agaccttata gttaattggg 240

atgagagcaa aagcattggg gacatttttc tgaaatattc aaaagatttg gtaaaaacct 300

accctccctt tgtaaacttc tttgaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt 353

Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys

1

5

gaa aaa cag aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca 401

Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala

10

15

20

25

aaa cca gaa tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca 449

Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro

30

35

40

gta cag agg tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag 497

Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys

45

50

55

cat aca gct gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att 545

His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile

60

65

70

gga tca ctg aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa 593

Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys

75

80

85

aca gaa gct caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga 641

Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly

90

95

100

105

tgc cca gct aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt 689

Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val

110

115

120

gaa aca att tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta 737

Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val

125

130

135

act ctc ttc ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac 785

Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His

140

145

150

aag gtt att ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca 833

Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro

155

160

165

gct tct ctt aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag 881

Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys

170

175

180

185

gta ttg gac ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg 929

Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu

190

195

200

ctt gtg agg cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag 977

Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln

205

210

215

atg aca tca gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt 1025

Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys

220

225

230

cga cat gta gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att 1073

Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile

235

240

245

tat act gct gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac 1121

Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp

250

255

260

265

agt aca ttg agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag 1169

Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys

270

275

280

gtt aca aga gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga 1217

Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg

285

290

295

agg gct ctt atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc 1265  
Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser

300

305

310

agc aat gat aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta 1313  
Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu

315

320

325

gca ggt atc cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa 1361  
Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu

330

335

340

345

agg aga agt cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata 1403  
Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

350

355

tgaagcgta ccaaaatctt aaattataga aatgtataga cacctcatatc tcaaataaga 1463

aactgactta aatggtactt gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa 1523

cactaaacta tgctatttga tttttcttct tgaaagagta aggtttacct gttacatttt 1583

caagttaatt catgtaaaaa atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc 1643

tgctattcaa aggccaataa ttttaagttgc tatcagctga tattagtagc tttgcaaccc 1703

tgatagagta aataaatttt atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata 1763

gtatccatga atgaatttat ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta 1823

aatgacatca taatactgga tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt 1883

ttcacatgtg cagtttgaag tatttaaata accactcctt tcacagttaa ttttcttctc 1943

aagcgttttc aagatctagc atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa 2003

catttaaagg agattgtttc aaaatatttt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga 2063

gaaacattgt atattttgca aaaacaagat gttttagct gtttcagaga gagtacggta 2123

tatttatggt aattttatcc actagcaaat ctgatttag tttgatagtg tgtggaattt 2183

tattttgaag gataagacca tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac ctttcataaa 2243

ataattctga agttgccatc agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgcac 2303

gttcaacttt ttattgtggt cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt 2363

caaagtgtga tatctttcac aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt 2423

catatggata aatgcatttt tatttcctat ttcttttaggg agtgctacaa atgtttgtca 2483

cttaaatttc aagtttctgt tttaatagtt aactgactat agattgtttt ctatgccatg 2543

tatgtgccac ttctgagagt agtaaagac tctttgtac attttaaaag caattgtatt 2603

agtaagaact ttgtaaataa atacctaaaa ccc 2636

<210> 51

<211> 883

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 51

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu

1 5 10 15

Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu

20 25 30

Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln

35 40 45

Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu

50 55 60

Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu

65 70 75 80

Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val

85 90 95

Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys

100 105 110

Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln

115

120

125

Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser

130

135

140

Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu

145

150

155

160

Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val His His Met Gly Gly Val Ile Arg

165

170

175

Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln

180

185

190

Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys

195

200

205

Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe

210

215

220

Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe

225

230

235

240

Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr

245

250

255

Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu

260

265

270



Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu  
290 295 300

Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met  
305 310 315 320

Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser  
325 330 335

Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu  
340 345 350

Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe  
355 360 365

Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser  
370 375 380

Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp  
385 390 395 400

Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro  
405 410 415

Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr  
420 425 430

Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln

435

440

445

Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro

450

455

460

Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val

465

470

475

480

His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp

485

490

495

Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu

500

505

510

Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu

515

520

525

Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu

530

535

540

Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu

545

550

555

560

Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu

565

570

575

Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr

580

585

590

Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn

595

600

605

Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val

610

615

620

Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser

625

630

635

640

Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp

645

650

655

Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile

660

665

670

Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly

675

680

685

Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu Lys His Ile His Leu Met Pro Leu

690

695

700

Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His

705

710

715

720

Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val

725

730

735

Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp  
740 745 750

Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp  
755 760 765

Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn  
770 775 780

Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys  
785 790 795 800

Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro  
805 810 815

Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu  
820 825 830

Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser  
835 840 845

Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu  
850 855 860

Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr  
865 870 875 880

His Leu Ile

<210> 52

<211> 3910

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (29)..(2677)

<400> 52

agagtgc tga tttagaagaa tacaaatc atg gct gaa aat agt gta tta aca 52

Met Ala Glu Asn Ser Val Leu Thr

1

5

tcc act act ggg agg act agc ttg gca gac tct tcc att ttt gat tct 100

Ser Thr Thr Gly Arg Thr Ser Leu Ala Asp Ser Ser Ile Phe Asp Ser

10

15

20

aaa gtt act gag att tcc aag gaa aac tta ctt att gga tct act tca 148

Lys Val Thr Glu Ile Ser Lys Glu Asn Leu Leu Ile Gly Ser Thr Ser

25

30

35

40

tat gta gaa gaa gag atg cct cag att gaa aca aga gtg ata ttg gtt 196

Tyr Val Glu Glu Glu Met Pro Gln Ile Glu Thr Arg Val Ile Leu Val

45

50

55

caa gaa gct gga aaa caa gaa gaa ctt aca aaa gcc tta aag gac att 244

Gln Glu Ala Gly Lys Gln Glu Glu Leu Thr Lys Ala Leu Lys Asp Ile  
60 65 70

aaa gtg ggc ttt gta aag atg gag tca gtg gaa gaa ttt gaa ggt ttg 292  
Lys Val Gly Phe Val Lys Met Glu Ser Val Glu Glu Phe Glu Gly Leu  
75 80 85

gat tct ccg gaa ttt gaa aat gta ttt gta gtc acg gac ttt cag gat 340  
Asp Ser Pro Glu Phe Glu Asn Val Phe Val Val Thr Asp Phe Gln Asp  
90 95 100

tct gtc ttt aat gac ctc tac aag gct gat tgt aga gtt att gga cca 388  
Ser Val Phe Asn Asp Leu Tyr Lys Ala Asp Cys Arg Val Ile Gly Pro  
105 110 115 120

cca gtt gta tta aat tgt tca caa aaa gga gag cct ttg cca ttt tca 436  
Pro Val Val Leu Asn Cys Ser Gln Lys Gly Glu Pro Leu Pro Phe Ser  
125 130 135

tgt cgc ccg ttg tat tgt aca agt atg atg aat cta gta cta tgc ttt 484  
Cys Arg Pro Leu Tyr Cys Thr Ser Met Met Asn Leu Val Leu Cys Phe  
140 145 150

act gga ttt agg aaa aaa gaa gaa cta gtc agg ttg gtg aca ttg gtc 532  
Thr Gly Phe Arg Lys Lys Glu Glu Leu Val Arg Leu Val Thr Leu Val  
155 160 165

cat cac atg ggt gga gtt att cga aaa gac ttt aat tca aaa gtt aca 580  
His His Met Gly Gly Val Ile Arg Lys Asp Phe Asn Ser Lys Val Thr

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 170   | 175 | 180 |     |
| cat ttg gtg gca aat tgt aca caa gga gaa aaa ttc agg gtt gct gtg | 628 |     |     |
| His Leu Val Ala Asn Cys Thr Gln Gly Glu Lys Phe Arg Val Ala Val |     |     |     |
| 185   | 190 | 195 | 200 |
| agt cta ggt act cca att atg aag cca gaa tgg att tat aaa gct tgg | 676 |     |     |
| Ser Leu Gly Thr Pro Ile Met Lys Pro Glu Trp Ile Tyr Lys Ala Trp |     |     |     |
|   | 205 | 210 | 215 |
| gaa agg cgg aat gaa cag gat ttc tat gca gca gtt gat gac ttt aga | 724 |     |     |
| Glu Arg Arg Asn Glu Gln Asp Phe Tyr Ala Ala Val Asp Asp Phe Arg |     |     |     |
|   | 220 | 225 | 230 |
| aat gaa ttt aaa gtt cct cca ttt caa gat tgt att ttt agt ttc ctg | 772 |     |     |
| Asn Glu Phe Lys Val Pro Pro Phe Gln Asp Cys Ile Phe Ser Phe Leu |     |     |     |
|   | 235 | 240 | 245 |
| gga ttt tca gat gaa gag aaa acc aat atg gaa gaa atg act gaa atg | 820 |     |     |
| Gly Phe Ser Asp Glu Glu Lys Thr Asn Met Glu Glu Met Thr Glu Met |     |     |     |
|   | 250 | 255 | 260 |
| caa gga ggt aaa tat tta ccg ctt gga gat gaa aga tgc act cac ctt | 868 |     |     |
| Gln Gly Gly Lys Tyr Leu Pro Leu Gly Asp Glu Arg Cys Thr His Leu |     |     |     |
|   | 265 | 270 | 275 |
| gta gtt gaa gag aat ata gta aaa gat ctt ccc ttt gaa cct tca aag | 916 |     |     |
| Val Val Glu Glu Asn Ile Val Lys Asp Leu Pro Phe Glu Pro Ser Lys |     |     |     |
|   | 285 | 290 | 295 |

aaa ctt tat gtt gtc aag caa gag tgg ttc tgg gga agc att caa atg 964

Lys Leu Tyr Val Val Lys Gln Glu Trp Phe Trp Gly Ser Ile Gln Met

300

305

310

gat gcc cga gct gga gaa act atg tat tta tat gaa aag gca aat act 1012

Asp Ala Arg Ala Gly Glu Thr Met Tyr Leu Tyr Glu Lys Ala Asn Thr

315

320

325

cct gag ctc aag aaa tca gtg tca atg ctt tct cta aat acc cct aac 1060

Pro Glu Leu Lys Lys Ser Val Ser Met Leu Ser Leu Asn Thr Pro Asn

330

335

340

agc aat cgc aaa cga cgt cgt tta aaa gaa aca ctt gct cag ctt tca 1108

Ser Asn Arg Lys Arg Arg Arg Leu Lys Glu Thr Leu Ala Gln Leu Ser

345

350

355

360

aga gat aca gac gtg tca cca ttt cca ccc cgt aag cgc cca tca gct 1156

Arg Asp Thr Asp Val Ser Pro Phe Pro Pro Arg Lys Arg Pro Ser Ala

365

370

375

gag cat tcc ctt tcc ata ggg tca ctc cta gat atc tcc aac aca cca 1204

Glu His Ser Leu Ser Ile Gly Ser Leu Leu Asp Ile Ser Asn Thr Pro

380

385

390

gag tct agc att aac tat gga gac acc cca aag tct tgt act aag tct 1252

Glu Ser Ser Ile Asn Tyr Gly Asp Thr Pro Lys Ser Cys Thr Lys Ser

395

400

405



tct aaa agc tcc act cca gtt cct tca aag cag tca gca agg tgg caa 1300  
 Ser Lys Ser Ser Thr Pro Val Pro Ser Lys Gln Ser Ala Arg Trp Gln  
 410 415 420

gtt gca aaa gag ctt tat caa act gaa agt aat tat gtt aat ata ttg 1348  
 Val Ala Lys Glu Leu Tyr Gln Thr Glu Ser Asn Tyr Val Asn Ile Leu  
 425 430 435 440

gca aca att att cag tta ttt caa gta cca ttg gaa gag gaa gga caa 1396  
 Ala Thr Ile Ile Gln Leu Phe Gln Val Pro Leu Glu Glu Glu Gly Gln  
 445 450 455

cgt ggt gga cct atc ctt gca cca gag gag att aag act att ttt ggt 1444  
 Arg Gly Gly Pro Ile Leu Ala Pro Glu Glu Ile Lys Thr Ile Phe Gly  
 460 465 470

agc atc cca gat atc ttt gat gta cac act aag ata aag gat gat ctt 1492  
 Ser Ile Pro Asp Ile Phe Asp Val His Thr Lys Ile Lys Asp Asp Leu  
 475 480 485

gaa gac ctt ata gtt aat tgg gat gag agc aaa agc att ggt gac att 1540  
 Glu Asp Leu Ile Val Asn Trp Asp Glu Ser Lys Ser Ile Gly Asp Ile  
 490 495 500

ttt ctg aaa tat tca aaa gat ttg gta aaa acc tac cct ccc ttt gta 1588  
 Phe Leu Lys Tyr Ser Lys Asp Leu Val Lys Thr Tyr Pro Pro Phe Val  
 505 510 515 520

aac ttc ttt gaa atg agc aag gaa aca att att aaa tgt gaa aaa cag 1636

Asn Phe Phe Glu Met Ser Lys Glu Thr Ile Ile Lys Cys Glu Lys Gln

525

530

535

aaa cca aga ttt cat gct ttt ctc aag ata aac caa gca aaa cca gaa 1684

Lys Pro Arg Phe His Ala Phe Leu Lys Ile Asn Gln Ala Lys Pro Glu

540

545

550

tgt gga cgg cag agc ctt gtt gaa ctt ctt atc cga cca gta cag agg 1732

Cys Gly Arg Gln Ser Leu Val Glu Leu Leu Ile Arg Pro Val Gln Arg

555

560

565

tta ccc agt gtt gca tta ctt tta aat gat ctt aag aag cat aca gct 1780

Leu Pro Ser Val Ala Leu Leu Leu Asn Asp Leu Lys Lys His Thr Ala

570

575

580

gat gaa aat cca gac aaa agc act tta gaa aaa gct att gga tca ctg 1828

Asp Glu Asn Pro Asp Lys Ser Thr Leu Glu Lys Ala Ile Gly Ser Leu

585

590

595

600

aag gaa gta atg acg cat att aat gag gat aag aga aaa aca gaa gct 1876

Lys Glu Val Met Thr His Ile Asn Glu Asp Lys Arg Lys Thr Glu Ala

605

610

615

caa aag caa att ttt gat gtt gtt tat gaa gta gat gga tgc cca gct 1924

Gln Lys Gln Ile Phe Asp Val Val Tyr Glu Val Asp Gly Cys Pro Ala

620

625

630

aat ctt tta tct tct cac cga agc tta gta cag cgg gtt gaa aca att 1972

Asn Leu Leu Ser Ser His Arg Ser Leu Val Gln Arg Val Glu Thr Ile

|   |      |     |     |
|---|------|-----|-----|
| 635   | 640  | 645 |     |
| tct cta ggt gag cac ccc tgt gac aga gga gaa caa gta act ctc ttc | 2020 |     |     |
| Ser Leu Gly Glu His Pro Cys Asp Arg Gly Glu Gln Val Thr Leu Phe |      |     |     |
| 650   | 655  | 660 |     |
| ctc ttc aat gat tgc cta gag ata gca aga aaa cgg cac aag gtt att | 2068 |     |     |
| Leu Phe Asn Asp Cys Leu Glu Ile Ala Arg Lys Arg His Lys Val Ile |      |     |     |
| 665   | 670  | 675 | 680 |
| ggc act ttt agg agt cct cat ggc caa acc cga ccc cca gct tct ctt | 2116 |     |     |
| Gly Thr Phe Arg Ser Pro His Gly Gln Thr Arg Pro Pro Ala Ser Leu |      |     |     |
| 685   | 690  | 695 |     |
| aag cat att cac cta atg cct ctt tct cag att aag aag gta ttg gac | 2164 |     |     |
| Lys His Ile His Leu Met Pro Leu Ser Gln Ile Lys Lys Val Leu Asp |      |     |     |
| 700   | 705  | 710 |     |
| ata aga gag aca gaa gat tgc cat aat gct ttt gcc ttg ctt gtg agg | 2212 |     |     |
| Ile Arg Glu Thr Glu Asp Cys His Asn Ala Phe Ala Leu Leu Val Arg |      |     |     |
| 715   | 720  | 725 |     |
| cca cca aca gag cag gca aat gtg cta ctc agt ttc cag atg aca tca | 2260 |     |     |
| Pro Pro Thr Glu Gln Ala Asn Val Leu Leu Ser Phe Gln Met Thr Ser |      |     |     |
| 730   | 735  | 740 |     |
| gat gaa ctt cca aaa gaa aac tgg cta aag atg ctg tgt cga cat gta | 2308 |     |     |
| Asp Glu Leu Pro Lys Glu Asn Trp Leu Lys Met Leu Cys Arg His Val |      |     |     |
| 745   | 750  | 755 | 760 |

gct aac acc att tgt aaa gca gat gct gag aat ctt att tat act gct 2356

Ala Asn Thr Ile Cys Lys Ala Asp Ala Glu Asn Leu Ile Tyr Thr Ala

765

770

775

gat cca gaa tcc ttt gaa gta aat aca aaa gat atg gac agt aca ttg 2404

Asp Pro Glu Ser Phe Glu Val Asn Thr Lys Asp Met Asp Ser Thr Leu

780

785

790

agt aga gca tca aga gca ata aaa aag act tca aaa aag gtt aca aga 2452

Ser Arg Ala Ser Arg Ala Ile Lys Lys Thr Ser Lys Lys Val Thr Arg

795

800

805

gca ttc tct ttc tcc aaa act cca aaa aga gct ctt cga agg gct ctt 2500

Ala Phe Ser Phe Ser Lys Thr Pro Lys Arg Ala Leu Arg Arg Ala Leu

810

815

820

atg aca tcc cac ggc tca gtg gag gga aga agt cct tcc agc aat gat 2548

Met Thr Ser His Gly Ser Val Glu Gly Arg Ser Pro Ser Ser Asn Asp

825

830

835

840

aag cat gta atg agt cgt ctt tct agc aca tca tca tta gca ggt atc 2596

Lys His Val Met Ser Arg Leu Ser Ser Thr Ser Ser Leu Ala Gly Ile

845

850

855

cct tct ccc tcc ctt gtc agc ctt cct tcc ttc ttt gaa agg aga agt 2644

Pro Ser Pro Ser Leu Val Ser Leu Pro Ser Phe Phe Glu Arg Arg Ser

860

865

870

cat acg tta agt aga tct aca act cat ttg ata tgaagcgta ccaaaatctt 2697  
His Thr Leu Ser Arg Ser Thr Thr His Leu Ile

875

880

aaattataga aatgtataga cacctcatatc tcaaataaga aactgactta aatggtactt 2757

gtaattagca cttggtgaaa gctggaagga agataaataa cactaaacta tgctatttga 2817

ttttcttct tgaagagta aggtttacct gttacatttt caagttaatt catgtaaaaa 2877

atgatagtga ttttgatgta atttatctct tgtttgaatc tgtcattcaa aggccaataa 2937

tttaagttgc tatcagctga tattagtagc ttgcaaccc tgatagagta aataaatttt 2997

atgggcgggt gccaaatact gctgtgaatc tatttgtata gtatccatga atgaatttat 3057

ggaaatagat atttgtgcag ctcaatttat gcagagatta aatgacatca taatactgga 3117

tgaaaacttg catagaattc tgattaaata gtgggtctgt ttcacatgtg cagtttgaag 3177

tatttaaata accactcctt tcacagtta ttttcttctc aagcgtttc aagatctagc 3237

atgtggattt taaaagattt gccctcatta acaagaataa catttaaagg agattgtttc 3297

aaaatatttt tgcaaattga gataaggaca gaaagattga gaaacattgt atattttgca 3357

aaaacaagat gttttagct gtttcagaga gagtacggta tatttatggt aattttatcc 3417

actagcaaat cttgatttag ttgatagtg tgtggaattt tattttgaag gataagacca 3477

tgggaaaatt gtggtaaaga ctgtttgtac ccttcatgaa ataattctga agttgccatc 3537  
 agttttacta atcttctgtg aaatgcatag atatgcgcat gttcaacttt ttattgtggt 3597  
 cttataatta aatgtaaaat tgaaaattca tttgctgttt caaagtgtga tatctttcac 3657  
 aatagccttt ttatagtcag taattcagaa taatcaagtt catatggata aatgcatttt 3717  
 tatttccat ttttttaggg agtgctacaa atgtttgtca cttaaatttc aagtttctgt 3777  
 tttaatagtt aactgactat agattgtttt ctatgccatg tatgtgccac ttctgagagt 3837  
 agtaaagac tctttgctac attttaaaag caattgtatt agtaagaact ttgtaaataa 3897  
 atacctaaaa ccc 3910

<210> 53

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 53

Met Glu Gly Pro Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly

1 5 10 15

Pro His Pro Pro Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn

20 25 30

Lys Glu Leu Ala Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser

35

40

45

Ser Asn Cys Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg

50

55

60

Cys Lys Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys

65

70

75

80

Glu Asn Val Ser Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp

85

90

95

Leu Val Lys Phe Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly

100

105

110

Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His

115

120

125

Leu Pro Met Val Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu

130

135

140

Ile Asp Gly Glu Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln

145

150

155

160

His Met Pro Ile Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn

165

170

175

Met Thr Asp Val Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys

180

185

190

Val Ile Gly Pro Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser

195

200

205

Leu Asn Val Val Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala

210

215

220

Val Ala Ala Gly Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly

225

230

235

240

Ser Ser Leu Asp Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met

245

250

255

Ala Leu Gln Asn Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu

260

265

270

Ala Lys Met Arg Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln

275

280

285

Lys Cys Glu Leu Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp

290

295

300

Ala Ile Gly Tyr Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys

305

310

315

320

Gly Cys Leu Leu Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg

325

330

335



Phe Leu Val Gly Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu  
340 345 350

Leu Ser Ser Val Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe  
355 360 365

Pro Asp Leu Ala Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile  
370 375 380

Val Ala Phe Leu Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly  
385 390 395 400

Phe Thr Lys Ala Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu  
405 410 415

Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu  
420 425 430

Ile Arg Lys Pro Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys  
435 440 445

Val Ala Arg Tyr Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly  
450 455 460

Phe Gly Asn His His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met  
465 470 475 480

Val Cys Gly Trp Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His  
485 490 495

Cys Ala Thr Thr Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln

500

505

510

Ile Val Ala Cys Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr

515

520

525

Phe His Phe Ser Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln

530

535

540

Ile Ala Phe Leu Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys

545

550

555

560

Gln Ser Lys His Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr

565

570

575

Asn Leu Gly Phe Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys

580

585

590

Phe Gly Leu Val Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr

595

600

605

Met Val Phe His Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

610

615

620

<210> 54

<211> 2426

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (104)..(1969)

<400> 54

gcgccagcag gaagtgggag aagaggcgac ccaaggcggg ctggcgggct ggcggcagtc 60

gctacttgcc tagtagcctc agccgctgtg ggctcctggg gag atg gag ggg ccg 115

Met Glu Gly Pro

1

ggg ctg ggc tcg cag tgc agg aat cac agc cat ggc ccc cac cct cca 163

Gly Leu Gly Ser Gln Cys Arg Asn His Ser His Gly Pro His Pro Pro

5

10

15

20

gga ttt ggt cga tat ggc atc tgt gca cat gaa aac aaa gaa ctt gcc 211

Gly Phe Gly Arg Tyr Gly Ile Cys Ala His Glu Asn Lys Glu Leu Ala

25

30

35

aat gca aga gaa gct ctt cct ctt ata gag gac tct agt aac tgt gac 259

Asn Ala Arg Glu Ala Leu Pro Leu Ile Glu Asp Ser Ser Asn Cys Asp

40

45

50

att gtc aaa gct act caa tac gga att ttt gaa cga tgt aaa gag ttg 307

Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Phe Glu Arg Cys Lys Glu Leu

55

60

65

gta gaa gca gga tat gat gtc agg caa cca gat aaa gaa aat gtg tcg 355  
Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Ser  
70 75 80

ctt ctt cat tgg gct gct att aac aac aga ctg gat ctt gta aag ttt 403  
Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Leu Asp Leu Val Lys Phe  
85 90 95 100

tat att tca aaa ggt gct gtt gta gat cag ttg ggt gga gat tta aat 451  
Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Val Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn  
105 110 115

tca act cct ctt cac tgg gcc atc cga caa gga cat tta cct atg gtc 499  
Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Ile Arg Gln Gly His Leu Pro Met Val  
120 125 130

ata tta tta ctc cag cat ggt gca gac ccc act ctt att gat gga gag 547  
Ile Leu Leu Leu Gln His Gly Ala Asp Pro Thr Leu Ile Asp Gly Glu  
135 140 145

gga ttc agc agc atc cac ctg gca gta ttg ttt caa cac atg cct att 595  
Gly Phe Ser Ser Ile His Leu Ala Val Leu Phe Gln His Met Pro Ile  
150 155 160

ata gca tat ctc atc tca aag gga cag agt gtg aat atg aca gat gta 643  
Ile Ala Tyr Leu Ile Ser Lys Gly Gln Ser Val Asn Met Thr Asp Val  
165 170 175 180

aat ggg cag aca cct ctc atg tta tca gct cac aaa gta att ggg cca 691

Asn Gly Gln Thr Pro Leu Met Leu Ser Ala His Lys Val Ile Gly Pro  
185 190 195

gaa cca act gga ttt ctt tta aag ttt aat cct tct ctc aat gtg gtt 739  
Glu Pro Thr Gly Phe Leu Leu Lys Phe Asn Pro Ser Leu Asn Val Val  
200 205 210

gat aaa ata cac caa aac act cca ctt cac tgg gca gtt gca gca gga 787  
Asp Lys Ile His Gln Asn Thr Pro Leu His Trp Ala Val Ala Ala Gly  
215 220 225

aat gtt aat gca gtt gat aag ctt ttg gaa gct ggt tct agc ctg gat 835  
Asn Val Asn Ala Val Asp Lys Leu Leu Glu Ala Gly Ser Ser Leu Asp  
230 235 240

atc cag aat gtt aag gga gaa aca cct ctt gat atg gct cta caa aac 883  
Ile Gln Asn Val Lys Gly Glu Thr Pro Leu Asp Met Ala Leu Gln Asn  
245 250 255 260

aaa aat cag ctc att att cat atg cta aaa aca gaa gcc aaa atg aga 931  
Lys Asn Gln Leu Ile Ile His Met Leu Lys Thr Glu Ala Lys Met Arg  
265 270 275

gcc aac caa aag ttc aga ctt tgg agg tgg ctg cag aaa tgc gag ctc 979  
Ala Asn Gln Lys Phe Arg Leu Trp Arg Trp Leu Gln Lys Cys Glu Leu  
280 285 290

ttc ctg ctg ctg atg ctt tct gtg att acc atg tgg gct att gga tac 1027  
Phe Leu Leu Leu Met Leu Ser Val Ile Thr Met Trp Ala Ile Gly Tyr

295

300

305

ata ttg gac ttc aat tca gat tct tgg ctt tta aaa gga tgt ctt cta 1075

Ile Leu Asp Phe Asn Ser Asp Ser Trp Leu Leu Lys Gly Cys Leu Leu

310

315

320

gta aca ctg ttt ttt ctg aca tct ttg ttt cca agg ttc ttg gtt ggg 1123

Val Thr Leu Phe Phe Leu Thr Ser Leu Phe Pro Arg Phe Leu Val Gly

325

330

335

340

tat aag aac ctt gta tac tta cca aca gcc ttt ctg cta agt tct gtt 1171

Tyr Lys Asn Leu Val Tyr Leu Pro Thr Ala Phe Leu Leu Ser Ser Val

345

350

355

ttt tgg ata ttt atg act tgg ttc atc tta ttt ttt cct gat tta gca 1219

Phe Trp Ile Phe Met Thr Trp Phe Ile Leu Phe Phe Pro Asp Leu Ala

360

365

370

gga gcc cct ttc tat ttc agt ttc att ttc agc ata gta gcc ttt cta 1267

Gly Ala Pro Phe Tyr Phe Ser Phe Ile Phe Ser Ile Val Ala Phe Leu

375

380

385

tac ttt ttc tat aag act tgg gca act gat cca ggc ttc act aag gct 1315

Tyr Phe Phe Tyr Lys Thr Trp Ala Thr Asp Pro Gly Phe Thr Lys Ala

390

395

400

tct gaa gaa gaa aag aaa gtg aat atc atc acc ctt gca gaa act ggc 1363

Ser Glu Glu Glu Lys Lys Val Asn Ile Ile Thr Leu Ala Glu Thr Gly

405

410

415

420

tct ctg gac ttc aga aca ttt tgt aca tca tgt ctt ata agg aag cca 1411

Ser Leu Asp Phe Arg Thr Phe Cys Thr Ser Cys Leu Ile Arg Lys Pro

425

430

435

tta agg tca ctc cac tgc cat gta tgc aac tgc tgt gtg gct cga tat 1459

Leu Arg Ser Leu His Cys His Val Cys Asn Cys Cys Val Ala Arg Tyr

440

445

450

gat caa cac tgc ctg tgg act gga cgg tgc ata ggt ttt ggc aac cat 1507

Asp Gln His Cys Leu Trp Thr Gly Arg Cys Ile Gly Phe Gly Asn His

455

460

465

cac tat tac ata ttc ttc ttg ttt ttc ctt tcc atg gta tgt ggc tgg 1555

His Tyr Tyr Ile Phe Phe Leu Phe Phe Leu Ser Met Val Cys Gly Trp

470

475

480

att ata tat gga tct ttc atc tat ttg tcc agt cat tgt gcc aca aca 1603

Ile Ile Tyr Gly Ser Phe Ile Tyr Leu Ser Ser His Cys Ala Thr Thr

485

490

495

500

ttc aaa gaa gat gga tta tgg act tac ctc aat cag att gtg gcc tgt 1651

Phe Lys Glu Asp Gly Leu Trp Thr Tyr Leu Asn Gln Ile Val Ala Cys

505

510

515

tcc cct tgg gtt tta tat atc ttg atg cta gca act ttc cat ttc tca 1699

Ser Pro Trp Val Leu Tyr Ile Leu Met Leu Ala Thr Phe His Phe Ser

520

525

530

tgg tca aca ttt tta tta tta aat caa ctc ttt cag att gcc ttt ctg 1747

Trp Ser Thr Phe Leu Leu Leu Asn Gln Leu Phe Gln Ile Ala Phe Leu

535

540

545

ggc ctg acc tcc cat gag aga atc agc ctg cag aag cag agc aag cat 1795

Gly Leu Thr Ser His Glu Arg Ile Ser Leu Gln Lys Gln Ser Lys His

550

555

560

atg aaa cag acg ttg tcc ctc agg aag aca cca tac aat ctt gga ttc 1843

Met Lys Gln Thr Leu Ser Leu Arg Lys Thr Pro Tyr Asn Leu Gly Phe

565

570

575

580

atg cag aac ctg gca gat ttc ttt cag tgt ggc tgc ttt ggc ttg gtg 1891

Met Gln Asn Leu Ala Asp Phe Phe Gln Cys Gly Cys Phe Gly Leu Val

585

590

595

aag ccc tgt gtg gta gat tgg aca tca cag tac acc atg gtc ttt cac 1939

Lys Pro Cys Val Val Asp Trp Thr Ser Gln Tyr Thr Met Val Phe His

600

605

610

cca gcc agg gag aag gtt ctt cgc tca gta tgaagaaaag caacccaaaa 1989

Pro Ala Arg Glu Lys Val Leu Arg Ser Val

615

620

ctctcaatct gatttgTTTT tgTTtatgtc gatgccctgt agTTtgaaag tgaagtaaag 2049

atttagaatt cacctaagtc caaaggaaaa cacgtggttt ttaaagccat taggtaaaaa 2109

aagttctcaa taaaggcatt acaattTTTT aggttttagaa agatggactt ttctgataaa 2169



tcttggcaga catctaaaaa aaaaccata tttttcacaa gaaaatgcaa gttacttttt 2229

ttggaaataa tactcactga ttatggataa aatggaatat tttcagatac tatattggct 2289

gtttcaaaat agtactattc tttaaacttg taatttttgc taagttattt gtctttgttg 2349

tatctataaa tatgtaaaaa atatttaa atagatgtacct gttttgcttt cacacttaat 2409

aaaaaatttt tttttgt 2426

<210> 55

<211> 257

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 55

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu Ile Met

1

5

10

15

Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly Cys Phe

20

25

30

Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg Lys Pro

35

40

45

Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala Val Leu

50

55

60

Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe Ala Leu  
65 70 75 80

Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr Ile Gly  
85 90 95

Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr Ser Arg  
100 105 110

Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly Ala Gly  
115 120 125

Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser Thr Gly  
130 135 140

Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser Leu Gln  
145 150 155 160

His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro Gly Gly  
165 170 175

Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu Ala Leu  
180 185 190

Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile Leu Ala  
195 200 205

Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val Ala Tyr

210

215

220

Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys Leu Leu

225

230

235

240

Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala Thr Asp

245

250

255

Gly

<210> 56

<211> 1520

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(780)

<400> 56

tttcccaag atg gcg tcg aag ata ggt tcg aga cgg tgg atg ttg cag ctg 51

Met Ala Ser Lys Ile Gly Ser Arg Arg Trp Met Leu Gln Leu

1

5

10

atc atg cag ttg ggt tcg gtg ctg ctc aca cgc tgc ccc ttt tgg ggc 99

Ile Met Gln Leu Gly Ser Val Leu Leu Thr Arg Cys Pro Phe Trp Gly

15

20

25

30

tgc ttc agc cag ctc atg ctg tac gct gag agg gct gag gca cgc cgg 147

Cys Phe Ser Gln Leu Met Leu Tyr Ala Glu Arg Ala Glu Ala Arg Arg

35

40

45

aag ccc gac atc cca gtg cct tac ctg tat ttc gac atg ggg gca gcc 195

Lys Pro Asp Ile Pro Val Pro Tyr Leu Tyr Phe Asp Met Gly Ala Ala

50

55

60

gtg ctg tgc gct agt ttc atg tcc ttt ggc gtg aag cgg cgc tgg ttc 243

Val Leu Cys Ala Ser Phe Met Ser Phe Gly Val Lys Arg Arg Trp Phe

65

70

75

gcg ctg ggg gcc gca ctc caa ttg gcc att agc acc tac gcc gcc tac 291

Ala Leu Gly Ala Ala Leu Gln Leu Ala Ile Ser Thr Tyr Ala Ala Tyr

80

85

90

atc ggg ggc tac gtc cac tac ggg gac tgg ctg aag gtc cgt atg tac 339

Ile Gly Gly Tyr Val His Tyr Gly Asp Trp Leu Lys Val Arg Met Tyr

95

100

105

110

tcg cgc aca gtt gcc atc atc ggc ggc ttt ctt gtg ttg gcc agc ggt 387

Ser Arg Thr Val Ala Ile Ile Gly Gly Phe Leu Val Leu Ala Ser Gly

115

120

125

gct ggg gag ctg tac cgc cgg aaa cct cgc agc cgc tcc ctg cag tcc 435

Ala Gly Glu Leu Tyr Arg Arg Lys Pro Arg Ser Arg Ser Leu Gln Ser

130

135

140

acc ggc cag gtg ttc ctg ggt atc tac ctc atc tgt gtg gcc tac tca 483  
 Thr Gly Gln Val Phe Leu Gly Ile Tyr Leu Ile Cys Val Ala Tyr Ser  
 145 150 155

ctg cag cac agc aag gag gac cgg ctg gcg tat ctg aac cat ctc cca 531  
 Leu Gln His Ser Lys Glu Asp Arg Leu Ala Tyr Leu Asn His Leu Pro  
 160 165 170

gga ggg gag ctg atg atc cag ctg ttc ttc gtg ctg tat ggc atc ctg 579  
 Gly Gly Glu Leu Met Ile Gln Leu Phe Phe Val Leu Tyr Gly Ile Leu  
 175 180 185 190

gcc ctg gcc ttt ctg tca ggc tac tac gtg acc ctc gct gcc cag atc 627  
 Ala Leu Ala Phe Leu Ser Gly Tyr Tyr Val Thr Leu Ala Ala Gln Ile  
 195 200 205

ctg gct gta ctg ctg ccc cct gtc atg ctg ctc att gat ggc aat gtt 675  
 Leu Ala Val Leu Leu Pro Pro Val Met Leu Leu Ile Asp Gly Asn Val  
 210 215 220

gct tac tgg cac aac acg cgg cgt gtt gag ttc tgg aac cag atg aag 723  
 Ala Tyr Trp His Asn Thr Arg Arg Val Glu Phe Trp Asn Gln Met Lys  
 225 230 235

ctc ctt gga gag agt gtg ggc atc ttc gga act gct gtc atc ctg gcc 771  
 Leu Leu Gly Glu Ser Val Gly Ile Phe Gly Thr Ala Val Ile Leu Ala  
 240 245 250

act gat ggc tgagttttat ggcaagaggc tgagatgggc acaggagacc 820

Thr Asp Gly

255

actgagggtc accctgcctt cctccttgct ggcccagctg ctgtttatct atgctttttg 880  
 gtctgtttgt ttgatctttt gcttttttaa aattgttttt tgcagttaag aggcagctca 940  
 ttgttccaaa tttctgggct cagcgttgg gagggcagga gccctggcac taatgctgta 1000  
 caggtttttt tctgttagg agagctgagg ccagctgccc actgagtctc ctgtccctga 1060  
 gaaggagta tggcagggtt gggatgcggc tactgagagt gggagagtgg gagacagagg 1120  
 aaggaagatg gagattggaa gtgagcaaatt gtgaaaaatt cctctttgaa cctggcagat 1180  
 gcagctaggc tctgcagtgc tgtttggaga ctgtgagagg gagtgtgtgt gttgacacat 1240  
 gtggatcagg cccaggaagg gcacaggggc tgagcactac agaagtcaca tgggttctca 1300  
 gggatatcca ggggcagaaa cagtaccggc tctctgtcac tcacctgag agtagagcag 1360  
 accctgttct gctctgggct gtgaaggggt ggagcaggca gtggccagct ttgcccttcc 1420  
 tgctgtctct gtttctagct ccatggttgg cctggtgggg gtggagtcc ctcccaaaca 1480  
 ccagaccaca cagtctcca aaaataaaca ttttatatag 1520

<210> 57

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 57

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp Ile Gln

1

5

10

15

Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys Asp Lys

20

25

30

Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln Val Glu

35

40

45

Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu Arg Phe

50

55

60

Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp Ser Ile

65

70

75

80

Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met Arg His

85

90

95

Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

100

105

<210> 58

<211> 1496

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (9)..(329)

<400> 58

ctaccagg atg gct ctc ttc gct ggt ggc aaa ctg cgt gtg cat ctc gac 50

Met Ala Leu Phe Ala Gly Gly Lys Leu Arg Val His Leu Asp

1

5

10

atc cag gtt ggg gag cat gcc aac aac tac cct gag att gct gca aaa 98

Ile Gln Val Gly Glu His Ala Asn Asn Tyr Pro Glu Ile Ala Ala Lys

15

20

25

30

gat aag ctg acg gag cta cag ctc cgc gcc cgc cag ttg ctt gat cag 146

Asp Lys Leu Thr Glu Leu Gln Leu Arg Ala Arg Gln Leu Leu Asp Gln

35

40

45

gtg gaa cag att cag aag gag cag gat tac caa agg tat cgt gaa gag 194

Val Glu Gln Ile Gln Lys Glu Gln Asp Tyr Gln Arg Tyr Arg Glu Glu

50

55

60

cgc ttc cga ctg acg agc gag agc acc aac cag agg gtc cta tgg tgg 242

Arg Phe Arg Leu Thr Ser Glu Ser Thr Asn Gln Arg Val Leu Trp Trp

65

70

75

tcc att gct cag act gtc atc ctc atc ctc act ggc atc tgg cag atg 290



Ser Ile Ala Gln Thr Val Ile Leu Ile Leu Thr Gly Ile Trp Gln Met

80

85

90

cgt cac ctc aag agc ttc ttt gag gcc aag aag ctg gtg tagtgccctc 339

Arg His Leu Lys Ser Phe Phe Glu Ala Lys Lys Leu Val

95

100

105

tttgtatgac ccttcctttt tacctcattt atttgggtact ttccccacac agtcctttat 399

ccacctggat ttttagggaa aaaaaatgaa aaagaataag tcacattggt tccatggcca 459

caaaccattc agatcagcca ctgtctgacc ctggttctta aggacacatg acattagtcc 519

aatctttcaa aatcttgtct tagggcttgt gaggaatcag aactaaccga ggactcagtc 579

ctgcttcttt tgcctcgagt gattttcttc tgtttttcac taaataagca aatgaaaact 639

ctctccatta ccttctgctt tctctttgtc cacttacgca gtaggtgact ggcatgtgcc 699

acagagcagg cctgcctca ctgtctgctg gtcagttctg gggtcactta atggctttgt 759

gaatgtaaata aaggggcagg tcttggccct agaggattga gatgtttttc tatactcttag 819

aactatTTTT ggataaatta tatatTTTcc ttcttagtag aagtgttact gcctgtaact 879

agctcaaaat accaatgcag tttctgcatt ctgggttttg ttttctttt tttttttttt 939

ttttttgagt tttgctcttg tcgcccaggc tggagtgcaa tggcgtgatc tcagctcact 999

ggcaacatct gcctcccggg ttcaaatgat tctcctgcct cagtctcctg agtagctggg 1059

attacaggtg cccgccacca cgctcagcta atttttgtat ttttagtaga gatgggggtt 1119

taccatgttg gccaggctgg tcttagactc ctgacctcag ttgatccacc tgcctcagcc 1179

tctgcattca gtttattcac atatTTTTtg taactcccat ggcagctcct aggatttcag 1239

cggtctgtgg gccagaaagc aggcaccagg gctgacctca aggccgtatc agagggccaa 1299

gcagagttct tttggatacc tgcttttcat cccacagggc cttagagtca gaggtaaggt 1359

agcaacagag ctagaatggg gcaatgcact cttacctcc ttctcaactt ttatttaagc 1419

tgtgctaaat gttttcttca agggaaccag atttagttct ttacagaatt ttccagtga 1479

ataaaacatg ttgtaat 1496

<210> 59

<211> 272

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly

1

5

10

15

Pro Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp

|   |     |         |
|---|-----|---------|
| 20  | 25  | 30      |
| Val Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met |     |         |
| 35  | 40  | 45      |
| Met Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly |     |         |
| 50  | 55  | 60      |
| Ile Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln |     |         |
| 65  | 70  | 75 80   |
| Gly Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr |     |         |
| 85  | 90  | 95      |
| Glu Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr |     |         |
| 100   | 105 | 110     |
| Thr Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys |     |         |
| 115   | 120 | 125     |
| Val Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg |     |         |
| 130   | 135 | 140     |
| Glu Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu |     |         |
| 145   | 150 | 155 160 |
| His Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro |     |         |
| 165   | 170 | 175     |

Ser Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val  
180 185 190

Leu Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr  
195 200 205

Tyr Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu  
210 215 220

Met His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln  
225 230 235 240

Tyr Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu  
245 250 255

Arg Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu  
260 265 270

<210> 60

<211> 1916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (117)..(932)

<400> 60

atggtaacgg ctcggaagcc taggaggctg ggccggaggg aggcggagga accggtgttc 60

gccgccgccg ctgcttcagc ttattccttg tggcctctgc gggtcctgcc tcagcc atg 119

Met

1

atg atc cac ggc ttc cag agc agc cac cgg gat ttc tgc ttc ggg ccc 167

Met Ile His Gly Phe Gln Ser Ser His Arg Asp Phe Cys Phe Gly Pro

5

10

15

tgg aag ctg acg gcg tcc aag acc cac atc atg aag tcg gcg gat gtg 215

Trp Lys Leu Thr Ala Ser Lys Thr His Ile Met Lys Ser Ala Asp Val

20

25

30

gag aaa tta gcc gat gaa tta cat atg cca tct ctc cct gaa atg atg 263

Glu Lys Leu Ala Asp Glu Leu His Met Pro Ser Leu Pro Glu Met Met

35

40

45

ttt gga gac aac gtt tta aga atc cag cat ggg tct ggc ttt gga att 311

Phe Gly Asp Asn Val Leu Arg Ile Gln His Gly Ser Gly Phe Gly Ile

50

55

60

65

gag ttc aat gct aca gat gcg tta aga tgt gta aac aac tac caa gga 359

Glu Phe Asn Ala Thr Asp Ala Leu Arg Cys Val Asn Asn Tyr Gln Gly

70

75

80

atg ctt aaa gtg gcc tgt gct gaa gag tgg caa gaa agc agg acg gag 407

Met Leu Lys Val Ala Cys Ala Glu Glu Trp Gln Glu Ser Arg Thr Glu

85

90

95

ggt gaa cac tcc aaa gag gtt att aaa cca tat gat tgg acc tat aca 455

Gly Glu His Ser Lys Glu Val Ile Lys Pro Tyr Asp Trp Thr Tyr Thr

100

105

110

aca gat tat aag gga acc tta ctt gga gaa tct ctt aag tta aag gtt 503

Thr Asp Tyr Lys Gly Thr Leu Leu Gly Glu Ser Leu Lys Leu Lys Val

115

120

125

gta cct aca aca gat cat ata gat aca gaa aaa ttg aaa gcc aga gaa 551

Val Pro Thr Thr Asp His Ile Asp Thr Glu Lys Leu Lys Ala Arg Glu

130

135

140

145

cag att aag ttt ttt gaa gaa gtt ctc ctt ttt gag gat gaa ctt cat 599

Gln Ile Lys Phe Phe Glu Glu Val Leu Leu Phe Glu Asp Glu Leu His

150

155

160

gat cat gga gtt tca agc ctg agt gtg aag att aga gta atg cct tct 647

Asp His Gly Val Ser Ser Leu Ser Val Lys Ile Arg Val Met Pro Ser

165

170

175

agc ttt ttc ctg ctg ttg cgg ttt ttc ttg aga att gat ggg gtg ctt 695

Ser Phe Phe Leu Leu Leu Arg Phe Phe Leu Arg Ile Asp Gly Val Leu

180

185

190

atc aga atg aat gac acg aga ctt tac cat gag gct gac aag acc tac 743

Ile Arg Met Asn Asp Thr Arg Leu Tyr His Glu Ala Asp Lys Thr Tyr

195

200

205

atg tta cga gaa tat acg tca cga gaa agc aaa att tct agt ttg atg 791

Met Leu Arg Glu Tyr Thr Ser Arg Glu Ser Lys Ile Ser Ser Leu Met

210

215

220

225

cat gtt cca cct tcc ctc ttc acg gaa cct aat gaa ata tcc cag tat 839

His Val Pro Pro Ser Leu Phe Thr Glu Pro Asn Glu Ile Ser Gln Tyr

230

235

240

tta cca ata aag gaa gca gtt tgt gag aag cta ata ttt cca gaa aga 887

Leu Pro Ile Lys Glu Ala Val Cys Glu Lys Leu Ile Phe Pro Glu Arg

245

250

255

att gat cct aac cca gca gac tca caa aaa agt aca caa gtg gaa 932

Ile Asp Pro Asn Pro Ala Asp Ser Gln Lys Ser Thr Gln Val Glu

260

265

270

taaaatgtga tacaacatat actcactatg gaatctgact ggacaccttg gctatttgta 992

aggggttatt tttattatga gaattaattg ccttgtttat gtacagattt tctgtagcct 1052

taaaggaaaa aaaaataaag atcggtacag gcaggtttca ctcaactgct atttgtactg 1112

tctgtcttca cattcatatt ccagatttat atttictgga gttaaatttg gatgatttct 1172

aaattatcac aaagtgggac ctacagcagta gtgatgtgtg tgtctcatga gcagttagca 1232

cagtctgcat tcacatgaa acactatctt ctaccaggag gaggttaatg taaatcacca 1292

aatcccaatg ccttggtgact ttcataggat tctgatcat gcatgttgat gtactggctc 1352

ttcactttgg gctttctgat gtttattcac acctttggag agttgcaact tgccacatac 1412

gaaattagtc tcatagtgtg gtgaacttca accccaaaat tttaaaaatg tatttcccc 1472

cagttttaaa ttgcctttga aatttaaaaa aaaaaattta gacttagtac cagaacaaaa 1532

aatacctaga tttttggaga acttattaca tacatagaaa catgaatatg gtttaccwct 1592

gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtatacag actttttttt ttaacttggt gattcagatg 1652

tcttgggtccc tgaatagtcc tagattactt attttgagaa ttgattgtta aaaattacag 1712

ggaattaaaa taattgcctt ttttttttta gagggtaaga gatgggtaga agagtatgcc 1772

tctgaaaatt ttattagttt attcttgtgg agaataccaa gaaaatgtgt atttgcccat 1832

tgctaaatat gatatatgcc attttgtatt tatttgtccc aagtgtcttt ttttaagagg 1892

agaataaaca ataaggaatt actg 1916

<210> 61

<211> 219

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Asn Arg Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser



1

5

10

15

Leu Thr Asp Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp

20

25

30

Lys Lys Ile Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln

35

40

45

Ile Lys Lys Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys

50

55

60

Ala Leu Arg Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp

65

70

75

80

Asn Leu Ala Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile

85

90

95

Gln Ser Leu Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly

100

105

110

Val Lys Glu Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile

115

120

125

Glu Asp Leu Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu

130

135

140

Ile Gln Glu Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu

145

150

155

160

Asp Asp Leu Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala  
165 170 175

Asp Glu Asp Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile  
180 185 190

Pro Glu Gly Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val  
195 200 205

Asp Glu Phe Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser  
210 215

<210> 62

<211> 1362

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(705)

<400> 62

gttttctggt ttgtctctag tgtttgggtt tcttcgcggc tgctcaag atg aac cga 57

Met Asn Arg

1

ctc ttc ggg aaa gcg aaa ccc aag gct ccg ccg ccc agc ctg act gac 105

Leu Phe Gly Lys Ala Lys Pro Lys Ala Pro Pro Pro Ser Leu Thr Asp

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 5   | 10  | 15  |     |
| tgc att ggc acg gtg gac agt aga gca gaa tcc att gac aag aag att | 153 |     |     |
| Cys Ile Gly Thr Val Asp Ser Arg Ala Glu Ser Ile Asp Lys Lys Ile |     |     |     |
| 20  | 25  | 30  | 35  |
| tct cga ttg gat gct gag cta gtg aag tat aag gat cag atc aag aag | 201 |     |     |
| Ser Arg Leu Asp Ala Glu Leu Val Lys Tyr Lys Asp Gln Ile Lys Lys |     |     |     |
| 40  | 45  | 50  |     |
| atg aga gag ggt cct gca aag aat atg gtc aag cag aaa gcc ttg cga | 249 |     |     |
| Met Arg Glu Gly Pro Ala Lys Asn Met Val Lys Gln Lys Ala Leu Arg |     |     |     |
| 55  | 60  | 65  |     |
| gtt tta aag caa aag agg atg tat gag cag cag cgg gac aat ctt gcc | 297 |     |     |
| Val Leu Lys Gln Lys Arg Met Tyr Glu Gln Gln Arg Asp Asn Leu Ala |     |     |     |
| 70  | 75  | 80  |     |
| caa cag tca ttc aac atg gaa caa gcc aat tat acc atc cag tct ttg | 345 |     |     |
| Gln Gln Ser Phe Asn Met Glu Gln Ala Asn Tyr Thr Ile Gln Ser Leu |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
| aag gac acc aag acc acg gtt gat gct atg aaa ctg gga gta aag gaa | 393 |     |     |
| Lys Asp Thr Lys Thr Thr Val Asp Ala Met Lys Leu Gly Val Lys Glu |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 | 115 |
| atg aag aag gca tac aag caa gtg aag atc gac cag att gag gat tta | 441 |     |     |
| Met Lys Lys Ala Tyr Lys Gln Val Lys Ile Asp Gln Ile Glu Asp Leu |     |     |     |
| 120   | 125 | 130 |     |

caa gac cag cta gag gat atg atg gaa gat gca aat gaa atc caa gaa 489

Gln Asp Gln Leu Glu Asp Met Met Glu Asp Ala Asn Glu Ile Gln Glu

135

140

145

gca ctg agt cgc agt tat ggc acc cca gaa ctg gat gaa gat gat tta 537

Ala Leu Ser Arg Ser Tyr Gly Thr Pro Glu Leu Asp Glu Asp Asp Leu

150

155

160

gaa gca gag ttg gat gca cta ggt gat gag ctt ctg gct gat gaa gac 585

Glu Ala Glu Leu Asp Ala Leu Gly Asp Glu Leu Leu Ala Asp Glu Asp

165

170

175

agt tct tat ttg gat gag gca gca tct gca cct gca att cca gaa ggt 633

Ser Ser Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Ser Ala Pro Ala Ile Pro Glu Gly

180

185

190

195

gtt ccc act gat aca aaa aac aag gat gga gtt ctg gtg gat gaa ttt 681

Val Pro Thr Asp Thr Lys Asn Lys Asp Gly Val Leu Val Asp Glu Phe

200

205

210

gga ttg cca cag atc cct gct tca tagatttgca tcattcaagc atatcttgta 735

Gly Leu Pro Gln Ile Pro Ala Ser

215

aaacaaacac atattatggg actaggaaat atttatcttt ccaaatttgc cataacagat 795

ttaggtttct ttcctttctt tgaaggaaag tttaattaca ttgctctttt attttttcca 855

ttaagagact cattgcttgg gaaatgcttt ctctgtacta aaatttgatt cctttttttt 915

cttatgaaaa acgaactcag tttaaaagta tttttagctc gtatgacttg ttttcattca 975

ttaataataa tttgaaataa aactaaggaa atggaatctt aaaagtctat gacagtgtaa 1035

ctctacagtc tcaaaatgac ctgataaatt gataagacaa agatgagatt attggggctg 1095

ttcatattat gattcagaat cattttctat tgtggtatta taggttggtt aaagtgatgg 1155

cctttttgat gggttttggt gtgtcttgtg aacaagtcgt tactgtgtcc attattggaa 1215

tggaattatc actactgtat catgagtggg tattttgatt ctatggttcc ctcagtatta 1275

catcttgact tgtaatcaat tatgaatatt tcttgatatt taatgtatag gacatttatt 1335

tatactcaat aaatattttt caaaagg 1362

<210> 63

<211> 622

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro

1

5

10

15

Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly

20

25

30

Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr

35

40

45

Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg

50

55

60

Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn

65

70

75

80

Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val

85

90

95

Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp

100

105

110

Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser

115

120

125

Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp

130

135

140

Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr

145

150

155

160

Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met

165

170

175

Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His  
180 185 190

Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn  
195 200 205

Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu  
210 215 220

Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn  
225 230 235 240

Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys  
245 250 255

Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln  
260 265 270

Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp  
275 280 285

Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile  
290 295 300

Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile  
305 310 315 320

Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser  
325 330 335

Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile

340

345

350

Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe

355

360

365

Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn

370

375

380

Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro

385

390

395

400

Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu

405

410

415

Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys

420

425

430

Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg

435

440

445

Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val

450

455

460

Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu

465

470

475

480

Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu



485

490

495

His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr

500

505

510

Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser

515

520

525

Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr

530

535

540

Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg

545

550

555

560

Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe

565

570

575

Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys

580

585

590

Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr

595

600

605

Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val

610

615

620

<210> 64

<211> 2948

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(1879)

<400> 64

atttaacacc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat acc gaa gcg 49

Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp Thr Glu Ala

1 5 10

ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc caa agc cat 97

Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro Gln Ser His

15 20 25

tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act cat att gat 145

Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr His Ile Asp

30 35 40

gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat gga ata tat 193

Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr

45 50 55 60

gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta cgg caa ccg 241

Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val Arg Gln Pro

65 70 75

gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc aat aac aga 289

Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile Asn Asn Arg

80

85

90

ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att gtg gat caa 337

Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile Val Asp Gln

95

100

105

ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc aca aga caa 385

Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala Thr Arg Gln

110

115

120

ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt gca gat cct 433

Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly Ala Asp Pro

125

130

135

140

tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg gct gct cag 481

Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu Ala Ala Gln

145

150

155

ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa gga cag gat 529

Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys Gly Gln Asp

160

165

170

gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg tgg gca gca 577

Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met Trp Ala Ala

175

180

185

tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta aca ttc aat 625

Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu Thr Phe Asn

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 190   | 195 | 200 |     |
| gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act gct ctg cat 673 |     |     |     |
| Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr Ala Leu His     |     |     |     |
| 205   | 210 | 215 | 220 |
| tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt ctt ctg gaa 721 |     |     |     |
| Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu Leu Leu Glu     |     |     |     |
|   | 225 | 230 | 235 |
| gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa tca gcg ctt 769 |     |     |     |
| Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu Ser Ala Leu     |     |     |     |
|   | 240 | 245 | 250 |
| gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac cac tta caa 817 |     |     |     |
| Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn His Leu Gln     |     |     |     |
|   | 255 | 260 | 265 |
| gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc ctt aga aag 865 |     |     |     |
| Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe Leu Arg Lys     |     |     |     |
|   | 270 | 275 | 280 |
| ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta gga act cct 913 |     |     |     |
| Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu Gly Thr Pro     |     |     |     |
| 285   | 290 | 295 | 300 |
| ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta aat att gat 961 |     |     |     |
| Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu Asn Ile Asp     |     |     |     |
|   | 305 | 310 | 315 |

tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg gct aca gta 1009

Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp Ala Thr Val

320

325

330

cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat agt gca ttg 1057

Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His Ser Ala Leu

335

340

345

ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat gtg acg tgg 1105

Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr Val Thr Trp

350

355

360

ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc cat ctt cca 1153

Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile His Leu Pro

365

370

375

380

ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga aaa tct tgg 1201

Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly Lys Ser Trp

385

390

395

aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa aag aaa aag 1249

Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln Lys Lys Lys

400

405

410

aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc agt ata ttc 1297

Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu Ser Ile Phe

415

420

425

tgC agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa cat tgt ggt 1345  
Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys His Cys Gly

430

435

440

gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc cca tgg gtg 1393  
Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys Pro Trp Val

445

450

455

460

ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg ggc tac cta 1441  
Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met Gly Tyr Leu

465

470

475

ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt tgt ata tct 1489  
Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly Cys Ile Ser

480

485

490

tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat gga ttt tgg 1537  
Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp Gly Phe Trp

495

500

505

aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg ttt tgg atg 1585  
Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met Phe Trp Met

510

515

520

ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta tta ctc atg 1633  
Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val Leu Leu Met

525

530

535

540

tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca aat gaa aga 1681

Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr Asn Glu Arg

545

550

555

atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca acg tct att 1729

Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr Thr Ser Ile

560

565

570

gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata gac ttc ttt 1777

Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile Asp Phe Phe

575

580

585

gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg gac tgg acc 1825

Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val Asp Trp Thr

590

595

600

agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct ggg tac cag 1873

Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser Gly Tyr Gln

605

610

615

620

ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggtg cctgaaaatt 1929

Leu Val

gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga gcatgctatg 1989

tgtagggcta atggtgaatt ttacagtctt tttttcaaca cttttattaa caaaagtaaa 2049

catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa taattttaat 2109

ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct cacagtattt 2169

ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat cagaaatggt 2229  
 cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc agtctagtag 2289  
 gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagttga ttgactagtt attatgtaca 2349  
 tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggatc tactgtgatg 2409  
 ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatggt cacaataaaa tgtgctaaca atgttttggt 2469  
 tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt gtagtaacct 2529  
 tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcac gagtatagta agtcatgttt 2589  
 ttttggtcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa tgtatactag 2649  
 cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa acagttccat 2709  
 ttttaagggt taagggtgga ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca aaattctcag 2769  
 taatagtgat acatggatat acttcctttt aaattctcag ctgcaaaata attgtagaca 2829  
 aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctgtgt acatagcaca tgtgaataaa 2889  
 agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaag tagaatttc 2948



<211> 632

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 65

Met Gln Arg Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp

1 5 10 15

Glu Tyr Asp Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu

20 25 30

Ile Lys Pro Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly

35 40 45

Arg Lys Thr His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala

50 55 60

Thr Gln Tyr Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly

65 70 75 80

Tyr Asp Val Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp

85 90 95

Ala Ala Ile Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys

100 105 110

Gly Ala Ile Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu

115 120 125

His Trp Ala Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met  
130 135 140

Lys Tyr Gly Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys  
145 150 155 160

Ile His Leu Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu  
165 170 175

Ile Ala Lys Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr  
180 185 190

Pro Leu Met Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg  
195 200 205

Leu Leu Leu Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His  
210 215 220

Lys Asn Thr Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val  
225 230 235 240

Ile Ser Leu Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile  
245 250 255

Lys Gly Glu Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp  
260 265 270

Met Ile Asn His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn  
275 280 285

Pro Ser Phe Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys  
290 295 300

Val Met Leu Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile  
305 310 315 320

Ala Asp Leu Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly  
325 330 335

Gly Val Trp Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His  
340 345 350

Ser Met His Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe  
355 360 365

Trp Met Tyr Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe  
370 375 380

Leu Phe Ile His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr  
385 390 395 400

Asn Phe Gly Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr  
405 410 415

Glu Glu Gln Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser  
420 425 430

Leu Asp Leu Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val

435

440

445

Arg Ser Lys His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp

450

455

460

His His Cys Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg

465

470

475

480

Tyr Phe Met Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met

485

490

495

Ile Tyr Gly Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr

500

505

510

Thr Lys Asp Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser

515

520

525

Pro Trp Met Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp

530

535

540

Val Ala Val Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly

545

550

555

560

Ile Thr Thr Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys

565

570

575

Val Thr Thr Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg

580

585

590

Asn Ile Ile Asp Phe Phe Glu Phe Arg.Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro  
 595 600 605

Val Ile Val Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile  
 610 615 620

Ser Gly Ser Gly Tyr Gln Leu Val  
 625 630

<210> 66

<211> 4715

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (108)..(2003)

<400> 66

gaagaaggag gaggaggccc gcgtcgctc cggcggggct cgcgctcgcc ccgcgctcgc 60

cctccgcctc gcccgagccc cgggagggtg aaacgctttc tcccagc atg cag cgg 116

Met Gln Arg

1

gag gag gga ttt aac acc aag atg gcg gac ggc ccg gat gag tac gat 164

Glu Glu Gly Phe Asn Thr Lys Met Ala Asp Gly Pro Asp Glu Tyr Asp

5

10

15

acc gaa gcg ggc tgt gtg ccc ctt ctc cac cca gag gaa atc aaa ccc 212

Thr Glu Ala Gly Cys Val Pro Leu Leu His Pro Glu Glu Ile Lys Pro

20 25 30 35

caa agc cat tat aac cat gga tat ggt gaa cct ctt gga cgg aaa act 260

Gln Ser His Tyr Asn His Gly Tyr Gly Glu Pro Leu Gly Arg Lys Thr

40 45 50

cat att gat gat tac agc aca tgg gac ata gtc aag gct aca caa tat 308

His Ile Asp Asp Tyr Ser Thr Trp Asp Ile Val Lys Ala Thr Gln Tyr

55 60 65

gga ata tat gaa cgc tgt cga gaa ttg gtg gaa gca ggt tat gat gta 356

Gly Ile Tyr Glu Arg Cys Arg Glu Leu Val Glu Ala Gly Tyr Asp Val

70 75 80

cgg caa ccg gac aaa gaa aat gtt acc ctc ctc cat tgg gct gcc atc 404

Arg Gln Pro Asp Lys Glu Asn Val Thr Leu Leu His Trp Ala Ala Ile

85 90 95

aat aac aga ata gat tta gtc aaa tac tat att tcg aaa ggt gct att 452

Asn Asn Arg Ile Asp Leu Val Lys Tyr Tyr Ile Ser Lys Gly Ala Ile

100 105 110 115

gtg gat caa ctt gga ggg gac ctg aat tca act cca ttg cac tgg gcc 500

Val Asp Gln Leu Gly Gly Asp Leu Asn Ser Thr Pro Leu His Trp Ala

120 125 130

aca aga caa ggc cat cta tcc atg gtt gtg caa cta atg aaa tat ggt 548

Thr Arg Gln Gly His Leu Ser Met Val Val Gln Leu Met Lys Tyr Gly

135

140

145

gca gat cct tca tta att gat gga gaa gga tgt agc tgt att cat ctg 596

Ala Asp Pro Ser Leu Ile Asp Gly Glu Gly Cys Ser Cys Ile His Leu

150

155

160

gct gct cag ttc gga cat acc tca att gtt gct tat ctc ata gca aaa 644

Ala Ala Gln Phe Gly His Thr Ser Ile Val Ala Tyr Leu Ile Ala Lys

165

170

175

gga cag gat gta gat atg atg gat cag aat gga atg acg cct tta atg 692

Gly Gln Asp Val Asp Met Met Asp Gln Asn Gly Met Thr Pro Leu Met

180

185

190

195

tgg gca gca tat aga aca cat agt gtg gat cca act aga ttg ctt tta 740

Trp Ala Ala Tyr Arg Thr His Ser Val Asp Pro Thr Arg Leu Leu Leu

200

205

210

aca ttc aat gtt tca gtt aac ctt ggt gac aag tat cac aaa aac act 788

Thr Phe Asn Val Ser Val Asn Leu Gly Asp Lys Tyr His Lys Asn Thr

215

220

225

gct ctg cat tgg gca gtg cta gca ggg aat acc aca gtc att agc ctt 836

Ala Leu His Trp Ala Val Leu Ala Gly Asn Thr Thr Val Ile Ser Leu

230

235

240

ctt ctg gaa gct gga gct aat gtt gat gcc cag aat atc aag ggc gaa 884

Leu Leu Glu Ala Gly Ala Asn Val Asp Ala Gln Asn Ile Lys Gly Glu  
245 250 255

tca gcg ctt gat ttg gca aaa cag aga aaa aat gtg tgg atg atc aac 932  
Ser Ala Leu Asp Leu Ala Lys Gln Arg Lys Asn Val Trp Met Ile Asn  
260 265 270 275

cac tta caa gag gca agg caa gca aaa gga tat gac aat ccg tcc ttc 980  
His Leu Gln Glu Ala Arg Gln Ala Lys Gly Tyr Asp Asn Pro Ser Phe  
280 285 290

ctt aga aag ctg aaa gct gat aag gaa ttt cgg cag aaa gta atg tta 1028  
Leu Arg Lys Leu Lys Ala Asp Lys Glu Phe Arg Gln Lys Val Met Leu  
295 300 305

gga act cct ttc cta gtt att tgg ctg gtt ggg ttt ata gca gac cta 1076  
Gly Thr Pro Phe Leu Val Ile Trp Leu Val Gly Phe Ile Ala Asp Leu  
310 315 320

aat att gat tct tgg ctc att aaa ggg cta atg tat ggt ggt gtt tgg 1124  
Asn Ile Asp Ser Trp Leu Ile Lys Gly Leu Met Tyr Gly Gly Val Trp  
325 330 335

gct aca gta cag ttt ctt tca aaa tcc ttt ttc gat cat tca atg cat 1172  
Ala Thr Val Gln Phe Leu Ser Lys Ser Phe Phe Asp His Ser Met His  
340 345 350 355

agt gca ttg ccc ctt ggg ata tat ttg gca acc aaa ttc tgg atg tat 1220  
Ser Ala Leu Pro Leu Gly Ile Tyr Leu Ala Thr Lys Phe Trp Met Tyr



|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 360   | 365 | 370 |      |
| gtg acg tgg ttc ttc tgg ttt tgg aat gat ctc aac ttt tta ttt atc |     |     | 1268 |
| Val Thr Trp Phe Phe Trp Phe Trp Asn Asp Leu Asn Phe Leu Phe Ile |     |     |      |
| 375   | 380 | 385 |      |
| cat ctt cca ttc ctt gcc aat agt gtt gca ctt ttc tac aat ttt gga |     |     | 1316 |
| His Leu Pro Phe Leu Ala Asn Ser Val Ala Leu Phe Tyr Asn Phe Gly |     |     |      |
| 390   | 395 | 400 |      |
| aaa tct tgg aaa tca gat cca ggg att att aaa gca aca gaa gag caa |     |     | 1364 |
| Lys Ser Trp Lys Ser Asp Pro Gly Ile Ile Lys Ala Thr Glu Glu Gln |     |     |      |
| 405   | 410 | 415 |      |
| aag aaa aag aca ata gtt gaa ctt gca gag aca gga agt ctg gac ctc |     |     | 1412 |
| Lys Lys Lys Thr Ile Val Glu Leu Ala Glu Thr Gly Ser Leu Asp Leu |     |     |      |
| 420   | 425 | 430 | 435  |
| agt ata ttc tgc agt acc tgt ttg ata cga aaa ccg gtg agg tcc aaa |     |     | 1460 |
| Ser Ile Phe Cys Ser Thr Cys Leu Ile Arg Lys Pro Val Arg Ser Lys |     |     |      |
| 440   | 445 | 450 |      |
| cat tgt ggt gtg tgc aac cgc tgt ata gca aaa ttt gat cat cat tgc |     |     | 1508 |
| His Cys Gly Val Cys Asn Arg Cys Ile Ala Lys Phe Asp His His Cys |     |     |      |
| 455   | 460 | 465 |      |
| cca tgg gtg ggt aac tgt gta ggt gca ggc aac cat aga tat ttt atg |     |     | 1556 |
| Pro Trp Val Gly Asn Cys Val Gly Ala Gly Asn His Arg Tyr Phe Met |     |     |      |
| 470   | 475 | 480 |      |

ggc tac cta ttc ttc ttg ctt ttt atg atc tgc tgg atg att tat ggt 1604

Gly Tyr Leu Phe Phe Leu Leu Phe Met Ile Cys Trp Met Ile Tyr Gly

485

490

495

tgt ata tct tac tgg gga ctc cac tgt gag acc act tac acc aag gat 1652

Cys Ile Ser Tyr Trp Gly Leu His Cys Glu Thr Thr Tyr Thr Lys Asp

500

505

510

515

gga ttt tgg aca tac att act cag att gcc acg tgt tca cct tgg atg 1700

Gly Phe Trp Thr Tyr Ile Thr Gln Ile Ala Thr Cys Ser Pro Trp Met

520

525

530

ttt tgg atg ttc ctg aac agt gtt ttc cac ttc atg tgg gtg gct gta 1748

Phe Trp Met Phe Leu Asn Ser Val Phe His Phe Met Trp Val Ala Val

535

540

545

tta ctc atg tgt cag atg tac cag ata tca tgt tta ggt att act aca 1796

Leu Leu Met Cys Gln Met Tyr Gln Ile Ser Cys Leu Gly Ile Thr Thr

550

555

560

aat gaa aga atg aat gcc agg aga tac aag cac ttt aaa gtc aca aca 1844

Asn Glu Arg Met Asn Ala Arg Arg Tyr Lys His Phe Lys Val Thr Thr

565

570

575

acg tct att gaa agc cca ttc aac cat gga tgt gta aga aat att ata 1892

Thr Ser Ile Glu Ser Pro Phe Asn His Gly Cys Val Arg Asn Ile Ile

580

585

590

595

gac ttc ttt gaa ttt cga tgc tgt ggc ctc ttt cgt cct gtt atc gtg 1940  
Asp Phe Phe Glu Phe Arg Cys Cys Gly Leu Phe Arg Pro Val Ile Val

600

605

610

gac tgg acc agg cag tat aca ata gaa tat gac caa ata tca gga tct 1988  
Asp Trp Thr Arg Gln Tyr Thr Ile Glu Tyr Asp Gln Ile Ser Gly Ser

615

620

625

ggg tac cag ctg gtg tagcgacatc ttatcctatg aagcatattg ctgagtgggtg 2043  
Gly Tyr Gln Leu Val

630

cctgaaaatt gtgtctgtcc gtgtctttct cacactcgaa tccacatcct ttgaacaaga 2103

gcatgctatg tgtagggcta atgggtgaatt ttacagtctt tttttcaaca cttttattaa 2163

caaaagtaaa catggacaga acacactgcc atttctggga agagtaaaga tgataaaaaa 2223

taattttaat ggttcttaat gtggaaattc acaacatact caacttttgg gttttgttct 2283

cacagtattt ttcacaaaaa aagggtaaac ttattctatt gacagacatg gtgtactgat 2343

cagaaatgtt cagttttaac taaaactaaa tttatgttat ttggctaaat gttatgatgc 2403

agtctagtac gagtattgca tctaattcca ggagcattgt ttttaagtga ttgactagtt 2463

attatgtaca tttcagaatg tacacataaa tactgtgatg aaaatcatgt gattgggatc 2523

tactgtgatg ttgtcttcaa aggcaggaga aaataatgtt cacaataaaa tgtgctaaca 2583

atgttttgtt tctatcagct gttgcaatgc tgatatattt ctagttcagt gaaataattt 2643

gtagtaacct tactctgagg ttttacggtc tgataatgaa gcacttgcac gagtatagta 2703

agtcatgttt ttttgttcaa atttaaaagc cctgctaatt gcatgacaca ccacatagaa 2763

tgtatactag cagatactat ccagtgaagc ataaattaga atttaatttg atgttcaaaa 2823

acagttccat ttttaagggt taagggtgta ttttcaagaa aaggcagaac aaataatgca 2883

aaattctcag taatagtgat acatggatat acttcctttt aaattctcag ctgcaaaaata 2943

attgtagaca aaataatggc atttaactaa agatggagca tgatctaagt acatagcaca 3003

tgtgaataaa agaaaagctg acagtatatt ctggtttcaa taaaatgacc tatcagaaag 3063

tagaatttca tccccagag tatttcagtt tatccaatat tgagtaagtt ctgaaacagt 3123

tttagaaaaa attttctttt tgttaaatgt gatgcactga tcaatttttg tcacagcatt 3183

ttcatacctt catggtggac tactagtcac tgcttccata aatattgttt acagggtgag 3243

atttggttta ttcactttaa gtgctgtagc aaactgtggt tcgagcaacc tgtgggaaat 3303

ctgtgagagg gaatggggtg ggagatgtgg gggaatgggtg gtcagactga tgacagatcc 3363

tagaccaatg taaagaatgt gtatctgtat ataaataatt tatcaaatag ttttctcttt 3423

gtgtctgtgt tagtggtttt aaagctgctc atttcatttt gtccaaccaa aaagaaaagg 3483

gagataacta atgagcttct agtgatgttc aaaattgctg ttaataggca ttataccctg 3543

caagttcact gcatgtctga tgcttggtaa aactagtctt ccctgtaaaa tgcagattac 3603

aggtattaaa gcaatctagt ggtatacccg ccccttgctt tagtaagagg agcagtgaag 3663

tgtatatagt tgatgttcag tattccaag taccattttt atatagtagc ttatttgacc 3723

ataagtcaca catcaaaaaa agattaccct tagtgatgt gttttaatat tagaaaattg 3783

gcatatgtac tttatttttg aaaagggaag agatgggtgt ggggtggcaa tagcattgtg 3843

ccattttgtc atagaatgta aaaattggtt aactttacaa atgtcagcta gttttgacta 3903

ctaattgggg gaaattttag ataattttta aattcaaagt tatttataaa atgctagaat 3963

ttgttttaat tttttgtatt ttgagccact tcacatgaag actcagttgc atttttatcg 4023

aatacatttt tatcaacagt taaagactat ggtgggtttt tcagagtttg gctaagaatg 4083

ttgttaccat cttctttggt tgtggtacaa tattttcagt gcaaaagaga tgtcattcag 4143

ttaaaaagac aaacctctag atgtgtaatt acatggaaaa tactagcaat gtgaatgctt 4203

ttgtagtaac catctttag tagctgtgaa atctataact cagaaatggt cagatgggtca 4263

ggagccagct atgcagcagt ataccatctg tttaattatt ttgtaggtcc tgtgtgtgga 4323

accaactata aacccagttc taaagttgtg tatgatggg aacctttggg aatagttctt 4383  
 atcaacttaa ttggatactt ttagcaaata ggaacttaat tctcagcact gaacatgaat 4443  
 tacttccttg gagttttttt tcattcatat ttttgttggt tccaggaatt tatttgatat 4503  
 taatgggcgt aaaacagcat cattgtactt aagctatgga tgtttttatt ttatatatttc 4563  
 tttatttata actgtgccaa gtattatttt gctacttacc gtgttattct gtggaaagaa 4623  
 aaacctgtaa agtgtttaat aaattagccc tccttacata aattaaatgt caaaattttg 4683  
 taaaatatta atcagaataa atactgactc tt 4715

<210> 67

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1

5

10

15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20

25

30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35

40

45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50

55

60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65

70

75

80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85

90

95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100

105

110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115

120

125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130

135

140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145

150

155

160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165

170

175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180

185

190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln  
195 200 205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn  
210 215 220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile  
225 230 235 240

Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala  
245 250 255

Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val  
260 265 270

His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr  
275 280 285

Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro  
290 295 300

Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu  
305 310 315 320

Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu  
325 330 335

Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu  
340 345 350



Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr  
355 360 365

Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr  
370 375 380

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser  
385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser  
405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe  
420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu  
435 440 445

Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln  
450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp  
465 470 475 480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe  
485 490 495

Ser Cys

<210> 68

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 68

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro

1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99

His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His

15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147

Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile

30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195

Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243  
His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly  
60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291  
Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu  
75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339  
Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro  
95 100 105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387  
Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg  
110 115 120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435  
Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu  
125 130 135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483  
His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly  
140 145 150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531  
Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn  
155 160 165 170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579

Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln  
175 180 185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627  
Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val  
190 195 200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675  
Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val  
205 210 215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723  
Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro  
220 225 230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771  
Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu  
235 240 245 250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819  
Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala  
255 260 265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867  
Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys  
270 275 280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915  
Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 285   | 290 | 295 |      |
| ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca |     |     | 963  |
| Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro |     |     |      |
| 300   | 305 | 310 |      |
| gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc |     |     | 1011 |
| Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu |     |     |      |
| 315   | 320 | 325 | 330  |
| aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc |     |     | 1059 |
| Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly |     |     |      |
| 335   | 340 | 345 |      |
| tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg |     |     | 1107 |
| Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr |     |     |      |
| 350   | 355 | 360 |      |
| cac acc ctg aac agc acg atg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca |     |     | 1155 |
| His Thr Leu Asn Ser Thr Met His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser |     |     |      |
| 365   | 370 | 375 |      |
| tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc |     |     | 1203 |
| Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly |     |     |      |
| 380   | 385 | 390 |      |
| act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac |     |     | 1251 |
| Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp |     |     |      |
| 395   | 400 | 405 | 410  |

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299  
Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg

415 420 425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347  
Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430 435 440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cct gaa ggt gtt gga tta 1395  
Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg Pro Glu Gly Val Gly Leu

445 450 455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443  
Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460 465 470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491  
Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475 480 485 490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggtta gttttactgt aattttctat 1545  
Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttgggtt tcttcctttg aattttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat ttgttaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc tttgttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgacctg 1845

atttcctagg agttggtttt tttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 69

<211> 498

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 69

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro His Ser Pro Gln Asn Leu

1 5 10 15

Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His Ala Val Val Leu Ser Trp

20 25 30

Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile Leu Tyr Tyr Ile Val Glu

35 40 45

Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val His Leu Ser Asn Val Gly

50 55 60

Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly Leu Thr Pro Ala Arg Thr

65 70 75 80

Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu Val Gly Arg Gly Gln Tyr

85

90

95

Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro Glu Glu Pro Pro Ser Ala

100

105

110

Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg Thr Asn Gln Ser Ile Met

115

120

125

Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu His Asn Gly Val Leu Arg

130

135

140

Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly Leu Pro Gly Glu Tyr Gln

145

150

155

160

Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn Tyr Cys Leu Val Thr Asp

165

170

175

Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln Val Ala Ala Tyr Asn Gly

180

185

190

Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val Thr Glu Tyr Thr Leu Gln

195

200

205

Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val Gln Thr Glu Ala Val Asn

210

215

220

Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro Pro Pro Gln Gln Phe Ile



|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 225   | 230 | 235 | 240 |
| Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu Ala Trp Pro Ala Asp Ala |     |     |     |
| 245   | 250 | 255 |     |
| Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala Pro Asp Phe His Gly Val |     |     |     |
| 260   | 265 | 270 |     |
| His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys Phe Thr Ala Tyr Phe Thr |     |     |     |
| 275   | 280 | 285 |     |
| Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp Gly Pro Pro Ser Thr Pro |     |     |     |
| 290   | 295 | 300 |     |
| Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro Gly Ala Val Gly His Leu |     |     |     |
| 305   | 310 | 315 | 320 |
| Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Lys Val Ser Trp Gln Glu |     |     |     |
| 325   | 330 | 335 |     |
| Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly Tyr Gln Ile Ser Trp Glu |     |     |     |
| 340   | 345 | 350 |     |
| Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr His Thr Leu Asn Ser Thr |     |     |     |
| 355   | 360 | 365 |     |
| Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser Ser Leu Thr Thr Tyr Thr |     |     |     |
| 370   | 375 | 380 |     |

Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Leu Val Thr Ser  
385 390 395 400

Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp Leu Pro Gly Ala Pro Ser  
405 410 415

Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg Ser Ala Thr Leu Gln Phe  
420 425 430

Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile Ser Arg Trp Ile Val Glu  
435 440 445

Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu Pro Ala Glu Val Thr Gln  
450 455 460

Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala Asn Leu Gly Ser Leu Trp  
465 470 475 480

Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser Gln Lys Leu Trp Glu Phe  
485 490 495

Ser Cys

<210> 70

<211> 1902

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (22)..(1515)

<400> 70

gaaggaggga atgactccag g atg gcc cgg ctg gaa gtg att gaa ctg cct 51

Met Ala Arg Leu Glu Val Ile Glu Leu Pro

1 5 10

cat tca cct cag aac ctc ctg gtc agc cct aat tct tcc cac agc cac 99

His Ser Pro Gln Asn Leu Leu Val Ser Pro Asn Ser Ser His Ser His

15 20 25

gcc gtg gtg ctc tct tgg gtc cgg ccc ttt gat gga aac agt cct att 147

Ala Val Val Leu Ser Trp Val Arg Pro Phe Asp Gly Asn Ser Pro Ile

30 35 40

ctt tat tac atc gtg gag ctg tct gaa aac aac tct cca tgg aag gtg 195

Leu Tyr Tyr Ile Val Glu Leu Ser Glu Asn Asn Ser Pro Trp Lys Val

45 50 55

cat ctg tca aac gtt ggc cct gag atg aca ggc gtc acc gtg agt ggc 243

His Leu Ser Asn Val Gly Pro Glu Met Thr Gly Val Thr Val Ser Gly

60 65 70

ctg act ccg gct cgt acc tat caa ttc cgg gtg tgc gcg gtg aat gaa 291

Leu Thr Pro Ala Arg Thr Tyr Gln Phe Arg Val Cys Ala Val Asn Glu

75 80 85 90

gtg ggc agg ggc cag tac agt gcc gag aca agc agg ttg atg cta cct 339

Val Gly Arg Gly Gln Tyr Ser Ala Glu Thr Ser Arg Leu Met Leu Pro

95

100

105

gaa gaa cca ccc agt gct ccc ccg aaa aat ata gtg gcc agt ggg cgg 387

Glu Glu Pro Pro Ser Ala Pro Pro Lys Asn Ile Val Ala Ser Gly Arg

110

115

120

act aat cag tcc att atg gtc cag tgg cag cca ccc cca gaa aca gag 435

Thr Asn Gln Ser Ile Met Val Gln Trp Gln Pro Pro Pro Glu Thr Glu

125

130

135

cac aac ggg gtg ttg cgt gga tac atc ctc agg tac cgc ctg gct ggc 483

His Asn Gly Val Leu Arg Gly Tyr Ile Leu Arg Tyr Arg Leu Ala Gly

140

145

150

ctt ccc gga gag tac cag cag cgg aac atc acc agc ccg gag gtg aac 531

Leu Pro Gly Glu Tyr Gln Gln Arg Asn Ile Thr Ser Pro Glu Val Asn

155

160

165

170

tac tgc ctg gtg aca gac ctg atc atc tgg aca cag tat gag ata cag 579

Tyr Cys Leu Val Thr Asp Leu Ile Ile Trp Thr Gln Tyr Glu Ile Gln

175

180

185

gtg gcg gcg tac aac ggg gcc ggt ctg ggc gtc ttc agc agg gca gtg 627

Val Ala Ala Tyr Asn Gly Ala Gly Leu Gly Val Phe Ser Arg Ala Val

190

195

200

acc gag tac acc ttg cag gga gtg ccc acc gcg ccc ccg cag aac gtg 675

Thr Glu Tyr Thr Leu Gln Gly Val Pro Thr Ala Pro Pro Gln Asn Val

205

210

215

cag acg gaa gcc gtg aac tcc acc acc att cag ttc ctg tgg aac cct 723

Gln Thr Glu Ala Val Asn Ser Thr Thr Ile Gln Phe Leu Trp Asn Pro

220

225

230

ccg cct cag cag ttt atc aat ggc atc aac cag gga tac aag ctt ctg 771

Pro Pro Gln Gln Phe Ile Asn Gly Ile Asn Gln Gly Tyr Lys Leu Leu

235

240

245

250

gca tgg ccg gca gat gcc ccc gag gct gtc act gtg gtc act att gcc 819

Ala Trp Pro Ala Asp Ala Pro Glu Ala Val Thr Val Val Thr Ile Ala

255

260

265

cca gat ttc cac gga gtc cac cat gga cac ata acg aac ctg aag aag 867

Pro Asp Phe His Gly Val His His Gly His Ile Thr Asn Leu Lys Lys

270

275

280

ttt acc gcc tac ttc act tcc gtt ctg tgc ttc acc acc cct ggg gac 915

Phe Thr Ala Tyr Phe Thr Ser Val Leu Cys Phe Thr Thr Pro Gly Asp

285

290

295

ggg cct ccc agc aca cct cag ctg gtc tgg act cag gaa gac aaa cca 963

Gly Pro Pro Ser Thr Pro Gln Leu Val Trp Thr Gln Glu Asp Lys Pro

300

305

310

gga gct gtg gga cat ctg agt ttc aca gag atc ttg gac aca tct ctc 1011

Gly Ala Val Gly His Leu Ser Phe Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu  
315 320 325 330

aag gtc agc tgg cag gag ccc ctg gag aaa aat ggc atc att act ggc 1059  
Lys Val Ser Trp Gln Glu Pro Leu Glu Lys Asn Gly Ile Ile Thr Gly  
335 340 345

tat cag atc tct tgg gaa gtg tac ggc agg aac gac tct cgt ctc acg 1107  
Tyr Gln Ile Ser Trp Glu Val Tyr Gly Arg Asn Asp Ser Arg Leu Thr  
350 355 360

cac acc ctg aac agc acg acg cac gag tac aag atc caa ggc ctc tca 1155  
His Thr Leu Asn Ser Thr Thr His Glu Tyr Lys Ile Gln Gly Leu Ser  
365 370 375

tct ctc acc acc tac acc atc gac gtg gcc gct gtg act gcc gtg ggc 1203  
Ser Leu Thr Thr Tyr Thr Ile Asp Val Ala Ala Val Thr Ala Val Gly  
380 385 390

act ggc ctg gtg act tca tcc acc att tct tct gga gtg ccc cca gac 1251  
Thr Gly Leu Val Thr Ser Ser Thr Ile Ser Ser Gly Val Pro Pro Asp  
395 400 405 410

ctt cct ggt gcc cca tcc aac ctg gtc att tcc aac atc agc cct cgc 1299  
Leu Pro Gly Ala Pro Ser Asn Leu Val Ile Ser Asn Ile Ser Pro Arg  
415 420 425

tcc gcc acc ctt cag ttc cgg cca ggc tat gac ggg aaa acg tcc atc 1347  
Ser Ala Thr Leu Gln Phe Arg Pro Gly Tyr Asp Gly Lys Thr Ser Ile

430

435

440

tcc agg tgg att gtt gag ggg cag atg aga cat caa ggt gtt gga tta 1395

Ser Arg Trp Ile Val Glu Gly Gln Met Arg His Gln Gly Val Gly Leu

445

450

455

cct gcc gag gtc aca cag cca agc cat gaa gcc gga ttg gag cct gca 1443

Pro Ala Glu Val Thr Gln Pro Ser His Glu Ala Gly Leu Glu Pro Ala

460

465

470

aac ctc gga agt ctg tgg ctg ctc agc ctg gtg tat tgg tgt tac agc 1491

Asn Leu Gly Ser Leu Trp Leu Leu Ser Leu Val Tyr Trp Cys Tyr Ser

475

480

485

490

cag aaa ctt tgg gaa ttc tct tgt tagttggtta gttttactgt aattttctat 1545

Gln Lys Leu Trp Glu Phe Ser Cys

495

aaagaattca tatcatctgt taatggcgac agtttttggt tcttccttg aattttttat 1605

attctttctt tctctttttt gtttcttctt ctttgagtat ttgtaatct tactgggagg 1665

gctaaagcgt cttctatcat atcgaattgg gacaatgata gaagacaatc ttgtttttgt 1725

cactctaaag aaattattgt aagattttat catcaggtat gacatttaca ccattgatgt 1785

aggcttttta aaaaatatat ccagcctgta ttgggttaag atgattcttt tctgacctg 1845

atttcctagg agttgggtttt tttttttta aagcataaat aaatttaatt gcatcag 1902

<210> 71

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 71

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser Met His

1

5

10

15

Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser Met Thr

20

25

30

Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile Leu Thr

35

40

45

Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His Arg Pro

50

55

60

Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg Leu Gly

65

70

75

80

Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser Pro Pro

85

90

95

Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile Ala Asp

100

105

110



Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe Ser Tyr  
115 120 125

Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys Val Ala  
130 135 140

Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu Ala Glu  
145 150 155 160

Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn Gly Lys  
165 170 175

Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile Glu Gly  
180 185 190

Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly Thr Val  
195 200 205

Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile Val Arg  
210 215 220

Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val Leu Gly  
225 230 235 240

Gln Trp Ile Gln Arg  
245

<210> 72

<211> 1551

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (127)..(861)

<400> 72

ggaagtcggc caccttcctc cgtcccggcc gttagcccag ccaagcccag ccaagcccag 60

ccaagccccg ccgatacgcg gcaccggagc cagccccgca gcgggtcccg cctgtctgtc 120

acgctg atg ccc gtg cag ctg tct gag cac ccg gaa tgg aat gag tct 168

Met Pro Val Gln Leu Ser Glu His Pro Glu Trp Asn Glu Ser

1

5

10

atg cac tcc ctc cgg atc agt gtg ggg ggc ctt cct gtg ctg gcg tcc 216

Met His Ser Leu Arg Ile Ser Val Gly Gly Leu Pro Val Leu Ala Ser

15

20

25

30

atg acc aag gcc gcg gac ccc cgc ttc cgc ccc cgc tgg aag gtg atc 264

Met Thr Lys Ala Ala Asp Pro Arg Phe Arg Pro Arg Trp Lys Val Ile

35

40

45

ctg acg ttc ttt gtg ggt gct gcc atc ctc tgg ctg ctc tgc tcc cac 312

Leu Thr Phe Phe Val Gly Ala Ala Ile Leu Trp Leu Leu Cys Ser His

50

55

60

cgc ccg gcc ccc ggc agg ccc ccc acc cac aat gca cac aac tgg agg 360  
 Arg Pro Ala Pro Gly Arg Pro Pro Thr His Asn Ala His Asn Trp Arg  
 65 70 75

ctc ggc cag gcg ccc gcc aac tgg tac aat gac acc tac ccc ctg tct 408  
 Leu Gly Gln Ala Pro Ala Asn Trp Tyr Asn Asp Thr Tyr Pro Leu Ser  
 80 85 90

ccc cca caa agg aca ccg gct ggg att cgg tat cga atc gca gtt atc 456  
 Pro Pro Gln Arg Thr Pro Ala Gly Ile Arg Tyr Arg Ile Ala Val Ile  
 95 100 105 110

gca gac ctg gac aca gag tca agg gcc caa gag gaa aac acc tgg ttc 504  
 Ala Asp Leu Asp Thr Glu Ser Arg Ala Gln Glu Glu Asn Thr Trp Phe  
 115 120 125

agt tac ctg aaa aag ggc tac ctg acc ctg tca gac agt ggg gac aag 552  
 Ser Tyr Leu Lys Lys Gly Tyr Leu Thr Leu Ser Asp Ser Gly Asp Lys  
 130 135 140

gtg gcc gtg gaa tgg gac aaa gac cat ggg gtc ctg gag tcc cac ctg 600  
 Val Ala Val Glu Trp Asp Lys Asp His Gly Val Leu Glu Ser His Leu  
 145 150 155

gcg gag aag ggg aga ggc atg gag cta tcc gac ctg att gtt ttc aat 648  
 Ala Glu Lys Gly Arg Gly Met Glu Leu Ser Asp Leu Ile Val Phe Asn  
 160 165 170

ggg aaa ctc tac tcc gtg gat gac cgg acg ggg gtc gtc tac cag atc 696

Gly Lys Leu Tyr Ser Val Asp Asp Arg Thr Gly Val Val Tyr Gln Ile  
175 180 185 190

gaa ggc agc aaa gcc gtg ccc tgg gtg att ctg tcc gac ggc gac ggc 744  
Glu Gly Ser Lys Ala Val Pro Trp Val Ile Leu Ser Asp Gly Asp Gly  
195 200 205

acc gtg gag aaa ggc ttc aag gcc gaa tgg ctg gca gtg cgg gag att 792  
Thr Val Glu Lys Gly Phe Lys Ala Glu Trp Leu Ala Val Arg Glu Ile  
210 215 220

gta agg aag cgg tgg cgg ctg gtg aag caa gtc tca cat gtc ggc gtt 840  
Val Arg Lys Arg Trp Arg Leu Val Lys Gln Val Ser His Val Gly Val  
225 230 235

ctt ggc caa tgg ata caa aga taaagaaaat gttgcctttt tctaggaact 891  
Leu Gly Gln Trp Ile Gln Arg  
240 245

gtcagaaatc ctcatgcctt tcaagacttc tgtgaatgac ttgaattttt tattccctgc 951

ctagggtctg tgaacgaggc ctgtctcttc cctggggttt ctttccatgg cctttatttc 1011

tcctcttcca gtgggagttt tgcaggctct tctctgtgga aacttcacga gcgttggtg 1071

ggcctcggct tcgctggagt gtactccagg gtgaaggcag agtgggattt gagaccagc 1131

tagtggagga agcgaaggaa gtgaacgctg aatgtgacgc atttctgaag agctcagctg 1191

tcaccgggca tagcctggaa gcccgaagtc tgttctgact ttgcctggct gtctccttga 1251

cccgctcct agatcattgt ccttgatgtc caggctgggt catttaaaat agagatgcaa 1311

tcaggaaggt tgggggactt gggactgtgg ctgaattgag accttgctga tgtattcatg 1371

tcagcacctg agtcacagcc caggtgcccga gaagcagcct cttcgcatag gcagtgattt 1431

gcgattactt taaagctcac ctttttctt cccctctctg ttcgctgctg tcagcataat 1491

gattgtgttc cttccctatg ggatccatct gttttgtaaa caataaagcg tctgagggag 1551

<210> 73

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 73

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1 5 10 15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20 25 30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35 40 45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50

55

60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65

70

75

80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85

90

95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100

105

110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His

145

150

155

160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly

165

170

175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly

180

185

190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val

195

200

205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln  
210 215 220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp  
225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe  
245 250 255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu  
260 265 270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser  
275 280 285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val  
290 295 300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val  
305 310 315 320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys  
325 330 335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser  
340 345 350

<210> 74

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 74

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctgccgccg tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5

10

15

20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25

30

35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40

45

50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile



|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 55  | 60  | 65  |     |
| gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg |     |     | 354 |
| Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val |     |     |     |
| 70  | 75  | 80  |     |
| gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag |     |     | 402 |
| Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  | 100 |
| atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc |     |     | 450 |
| Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile |     |     |     |
| 105   | 110 | 115 |     |
| att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag |     |     | 498 |
| Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu |     |     |     |
| 120   | 125 | 130 |     |
| gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg |     |     | 546 |
| Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val |     |     |     |
| 135   | 140 | 145 |     |
| gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag |     |     | 594 |
| Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln |     |     |     |
| 150   | 155 | 160 |     |
| tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa |     |     | 642 |
| Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 | 180 |

ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca 690

Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr

185

190

195

ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg 738

Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro

200

205

210

ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc 786

Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser

215

220

225

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834

Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230

235

240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882

Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg

245

250

255

260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930

Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln

265

270

275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978

Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro

280

285

290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026  
Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser

295

300

305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074  
Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr

310

315

320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122  
Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg

325

330

335

340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ccg tac aac agc taatagtttg 1168  
Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Pro Tyr Asn Ser

345

350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcacc ctcgccccctt ttcagggatt tttatctcga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctggggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tgtttttttc tgggtgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttcctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcaggtcaa cttgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008

ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggtggcac cctgagcata 2068

tgccctcttg gggctccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128

tcgcttctcc ttgtgttacc cctcccagt attaccattt gccctcacc tgcccttggt 2188

gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg ttttccccca cctctgagta gttggaggtc 2248

acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcac tctcgtcctc 2308

ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368

gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 75

<211> 352

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Glu Ser Gly Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly

1 5 10 15

Thr Thr Ser Val Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys

20 25 30

Ala Arg Val Ser Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly

35 40 45

Glu Asp Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro

50 55 60

Tyr Ala Val Ile Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn

65 70 75 80

Ser Gln Phe Val Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu

85 90 95

Gln Glu His Lys Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp

100 105 110

Cys Ser Lys Ile Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu

115

120

125

Val Pro His Glu Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro

130

135

140

Leu Asp Ser Val Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His

145

150

155

160

Pro Ser Ile Gln Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly

165

170

175

Glu Arg Pro Lys Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly

180

185

190

Ala Thr Leu Thr Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val

195

200

205

Arg Leu Gln Pro Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln

210

215

220

Asp Phe Asp Ser Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp

225

230

235

240

Lys Val Leu Ala Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe

245

250

255

Phe Ile Leu Arg Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu

260

265

270

Lys Gln Met Gln Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser

275

280

285

Arg Ala Lys Pro Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val

290

295

300

Cys Leu Ser Ser Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val

305

310

315

320

Cys Ser Cys Thr Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys

325

330

335

Pro Ile Cys Arg Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

340

345

350

<210> 76

<211> 2401

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(1158)

<400> 76

ttaggccggg ggggtgcggt cctggtcgga aggaggtgga gagtcggggg tcaccaggcc 60

tatccttggc gccacagtcg gccaccgggg ctgcgcccg tc atg gag agc gga 114

Met Glu Ser Gly

1

ggg cgg ccc tcg ctg tgc cag ttc atc ctc ctg ggc acc acc tct gtg 162

Gly Arg Pro Ser Leu Cys Gln Phe Ile Leu Leu Gly Thr Thr Ser Val

5 10 15 20

gtc acc gcc gcc ctg tac tcc gtg tac cgg cag aag gcc cgg gtc tcc 210

Val Thr Ala Ala Leu Tyr Ser Val Tyr Arg Gln Lys Ala Arg Val Ser

25 30 35

caa gag ctc aag gga gct aaa aaa gtt cat ttg ggt gaa gat tta aag 258

Gln Glu Leu Lys Gly Ala Lys Lys Val His Leu Gly Glu Asp Leu Lys

40 45 50

agt att ctt tca gaa gct cca gga aaa tgc gtg cct tat gct gtt ata 306

Ser Ile Leu Ser Glu Ala Pro Gly Lys Cys Val Pro Tyr Ala Val Ile

55 60 65

gaa gga gct gtg cgg tct gtt aaa gaa acg ctt aac agc cag ttt gtg 354

Glu Gly Ala Val Arg Ser Val Lys Glu Thr Leu Asn Ser Gln Phe Val

70 75 80

gaa aac tgc aag ggg gta att cag cgg ctg aca ctt cag gag cac aag 402

Glu Asn Cys Lys Gly Val Ile Gln Arg Leu Thr Leu Gln Glu His Lys

85 90 95 100

atg gtg tgg aat cga acc acc cac ctt tgg aat gat tgc tca aag atc 450

Met Val Trp Asn Arg Thr Thr His Leu Trp Asn Asp Cys Ser Lys Ile



|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 105   | 110 | 115 |     |
| att cat cag agg acc aac aca gtg ccc ttt gac ctg gtg ccc cac gag |     |     | 498 |
| Ile His Gln Arg Thr Asn Thr Val Pro Phe Asp Leu Val Pro His Glu |     |     |     |
| 120   | 125 | 130 |     |
| gat ggc gtg gat gtg gct gtg cga gtg ctg aag ccc ctg gac tca gtg |     |     | 546 |
| Asp Gly Val Asp Val Ala Val Arg Val Leu Lys Pro Leu Asp Ser Val |     |     |     |
| 135   | 140 | 145 |     |
| gat ctg ggt cta gag act gtg tat gag aag ttc cac ccc tcg att cag |     |     | 594 |
| Asp Leu Gly Leu Glu Thr Val Tyr Glu Lys Phe His Pro Ser Ile Gln |     |     |     |
| 150   | 155 | 160 |     |
| tcc ttc acc gat gtc atc ggc cac tac atc agc ggt gag cgg ccc aaa |     |     | 642 |
| Ser Phe Thr Asp Val Ile Gly His Tyr Ile Ser Gly Glu Arg Pro Lys |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 | 180 |
| ggc atc caa gag acc gag gag atg ctg aag gtg ggg gcc acc ctc aca |     |     | 690 |
| Gly Ile Gln Glu Thr Glu Glu Met Leu Lys Val Gly Ala Thr Leu Thr |     |     |     |
| 185   | 190 | 195 |     |
| ggg gtt ggc gaa ctg gtc ctg gac aac aac tct gtc cgc ctg cag ccg |     |     | 738 |
| Gly Val Gly Glu Leu Val Leu Asp Asn Asn Ser Val Arg Leu Gln Pro |     |     |     |
| 200   | 205 | 210 |     |
| ccc aaa caa ggc atg cag tac tat cta agc agc cag gac ttc gac agc |     |     | 786 |
| Pro Lys Gln Gly Met Gln Tyr Tyr Leu Ser Ser Gln Asp Phe Asp Ser |     |     |     |
| 215   | 220 | 225 |     |

ctg ctg cag agg cag gag tcg agc gtc agg ctc tgg aag gtg ctg gcg 834

Leu Leu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Val Arg Leu Trp Lys Val Leu Ala

230

235

240

ctg gtt ttt ggc ttt gcc aca tgt gcc acc ctc ttc ttc att ctc cgg 882

Leu Val Phe Gly Phe Ala Thr Cys Ala Thr Leu Phe Phe Ile Leu Arg

245

250

255

260

aag cag tat ctg cag cgg cag gag cgc ctg cgc ctc aag cag atg cag 930

Lys Gln Tyr Leu Gln Arg Gln Glu Arg Leu Arg Leu Lys Gln Met Gln

265

270

275

gag gag ttc cag gag cat gag gcc cag ctg ctg agc cga gcc aag cct 978

Glu Glu Phe Gln Glu His Glu Ala Gln Leu Leu Ser Arg Ala Lys Pro

280

285

290

gag gac agg gag agt ctg aag agc gcc tgt gta gtg tgt ctg agc agc 1026

Glu Asp Arg Glu Ser Leu Lys Ser Ala Cys Val Val Cys Leu Ser Ser

295

300

305

ttc aag tcc tgc gtc ttt ctg gag tgt ggg cac gtt tgt tcc tgc acc 1074

Phe Lys Ser Cys Val Phe Leu Glu Cys Gly His Val Cys Ser Cys Thr

310

315

320

gag tgc tac cgc gcc ttg cca gag ccc aag aag tgc cct atc tgc aga 1122

Glu Cys Tyr Arg Ala Leu Pro Glu Pro Lys Lys Cys Pro Ile Cys Arg

325

330

335

340

cag gcg atc acc cgg gtg ata ccc ctg tac aac agc taatagtttg 1168

Gln Ala Ile Thr Arg Val Ile Pro Leu Tyr Asn Ser

345

350

gaagccgcac agcttgacct ggaagcacc cgtccccctt ttcagggtt tttatctcga 1228

ggcctttgga ggagcagtgg tgggggtagc tgtcacctcc aggtatgatt gagggaggaa 1288

tcgggtagaa actctccaga cccatgcctc caatggcagg atgctgcctt tcccacctga 1348

gaggggaccc tgtccatgtg cagcctcatc agagcctcac cctgggagga tgccgtggcg 1408

tctcctccca ggagccagat cagtgcgagt gtgactgaaa atgcctcatc acttaagcac 1468

caaagccagt gatcagcagc tcttctgttc ctgtgtcttc tgttttttc tggatgaatcg 1528

ttgcttgctg tggacttggt ggaggactca gaggggagga aaggctgggc cccgagtaca 1588

acggatgcct tgggtgctgc ctccgaagag actctgccgc agcttttctt ctttttctc 1648

atgccccggg aaacagtctt tcttcagaat tgtcaggctg ggcagggtcaa cttgtgttcc 1708

tttccctca cctgcttgcc tccttaacgc ctgcacgtgt gtgtagagga caaaagaaag 1768

tgaagtcagc acatccgctt ctgccagat ggtcggggcc ccgggcaaca gattgaagag 1828

agatcatgtg aagggcagtt ggtcaggcag gcctcctggt ttcgccactg gccctgattt 1888

gaactcctgc cacttgggag agctcggggt ggtccctggt tttccctcct ggagaatgag 1948

gcgcagaggc ctcgcctcct gaaggacgca gtgtggatgc cactggccta gtgtcctggc 2008  
ctcacagctt ccttgcaagg ctgtcacaag gaaaagcagc cggctggcac cctgagcata 2068  
tgccctcttg gggtccctc atccagcccg tcgcagcttt gacatcttgg tgtactcatg 2128  
tcgcttctcc ttgtgttacc cctcccaagt attaccattt gccctcacc tgcccttggg 2188  
gagcctttta gtgcaagaca gatggggctg ttttccccca cctctgagta gttggaggtc 2248  
acatacacag ctcttttttt attgcccttt tctgcctctg aatgttcac tctcgtcctc 2308  
ctttgtgcag gcgaggaagg ggtgccctca ggggccgaca ctagtgtgat gcagtgtcca 2368  
gtgtgaacag cagaaattaa acatgttgca acc 2401

<210> 77

<211> 697

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 77

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu Tyr Leu Ala  
1 5 10 15

Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met His Ser Ser  
20 25 30

Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu Val Ala Ile

35

40

45

Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn Ser Leu Ile

50

55

60

Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile Ala Ser Ile

65

70

75

80

Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn

85

90

95

Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser

100

105

110

Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu

115

120

125

Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser

130

135

140

Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu

145

150

155

160

Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys

165

170

175

Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile

180

185

190

Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe

195

200

205

Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile

210

215

220

Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp

225

230

235

240

Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu

245

250

255

Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met

260

265

270

Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr

275

280

285

His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe

290

295

300

Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His

305

310

315

320

Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp

325

330

335

Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe  
340 345 350

Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala  
355 360 365

Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser  
370 375 380

Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe  
385 390 395 400

His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile  
405 410 415

Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu  
420 425 430

Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu  
435 440 445

Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly  
450 455 460

Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys  
465 470 475 480

Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp  
485 490 495

Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp

500

505

510

Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp

515

520

525

Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu

530

535

540

Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn

545

550

555

560

Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp

565

570

575

Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp

580

585

590

Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys

595

600

605

Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp

610

615

620

Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met

625

630

635

640

Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp



645

650

655

Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys

660

665

670

Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr

675

680

685

Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690

695

<210> 78

<211> 3008

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (372)..(2462)

<400> 78

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcgggccct cgttcccca 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgctct cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aaataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta c atg tgt aaa tca ctg cgt tat tgc ttt agt cat tgt ctc 410

Met Cys Lys Ser Leu Arg Tyr Cys Phe Ser His Cys Leu

1

5

10

tat tta gca atg aca aga ctg gaa gaa gta aat aga gaa gtg aac atg 458

Tyr Leu Ala Met Thr Arg Leu Glu Glu Val Asn Arg Glu Val Asn Met

15

20

25

cat tct tca gtg cgg tat ctt ggc tat tta gcc aga atc aat tta ttg 506

His Ser Ser Val Arg Tyr Leu Gly Tyr Leu Ala Arg Ile Asn Leu Leu

30

35

40

45

gtt gct ata tgc tta ggt cta tac gta aga tgg gaa aaa aca gca aat 554

Val Ala Ile Cys Leu Gly Leu Tyr Val Arg Trp Glu Lys Thr Ala Asn

50

55

60

tcc tta att ttg gta att ttt att ctt ggt ctt ttt gtt ctt gga atc 602

Ser Leu Ile Leu Val Ile Phe Ile Leu Gly Leu Phe Val Leu Gly Ile

65

70

75

gcc agc ata ctc tat tac tat ttt tca atg gaa gca gca agt tta agt 650

Ala Ser Ile Leu Tyr Tyr Tyr Phe Ser Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser

80

85

90

ctc tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt 698  
 Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu  
 95 100 105

gat aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat 746  
 Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr  
 110 115 120 125

ttg ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag 794  
 Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu  
 130 135 140

aga att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt 842  
 Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val  
 145 150 155

gaa ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg 890  
 Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu  
 160 165 170

gtg gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg 938  
 Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met  
 175 180 185

ctg att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta 986  
 Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu  
 190 195 200 205

gtt att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa 1034

Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys

210

215

220

aat ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct 1082

Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro

225

230

235

ttc ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa 1130

Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys

240

245

250

ccc ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt 1178

Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe

255

260

265

gct gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt 1226

Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu

270

275

280

285

aga gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt 1274

Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe

290

295

300

gga att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg 1322

Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp

305

310

315

gga ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac 1370

Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His

320

325

330

agg aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg 1418

Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met

335

340

345

cgc cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt 1466

Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu

350

355

360

365

gca aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att 1514

Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile

370

375

380

ttc ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat 1562

Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His

385

390

395

ggg ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga 1610

Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly

400

405

410

tat gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca 1658

Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro

415

420

425

aca ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act 1706

Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr

430

435

440

445

ggc atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag 1754

Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu

450

455

460

acc tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg 1802

Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu

465

470

475

cat tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc 1850

His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro

480

485

490

aga cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca 1898

Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr

495

500

505

gga gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt 1946

Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu

510

515

520

525

ata gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att 1994

Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile

530

535

540

atc gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg 2042

Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg

545

550

555

aaa att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa 2090  
 Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys  
 560 565 570

aca gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca 2138  
 Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr  
 575 580 585

aaa gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg 2186  
 Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp  
 590 595 600 605

act gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg 2234  
 Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg  
 610 615 620

tgg agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag 2282  
 Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys  
 625 630 635

cac tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg 2330  
 His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu  
 640 645 650

gca aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt 2378  
 Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys  
 655 660 665

ttt agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg 2426

Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val

670

675

680

685

ctg gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttgac 2472

Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

690

695

cccaaagcgg gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatttttt 2532

gtatgctgta tttttatttg tggaaaatac ctigctactt ctgtagctgc tctcactttg 2592

tcttttctta agtaattatg gtatatataa ggcgttggga aaaaacattt tataatgaaa 2652

gtatgtaggg agtcaaagtc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca 2712

ctttcaggaa tgtttgctta tggctctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa 2772

tggatcaatga tgaattacta atgccttatt ttctagggcat ataataatag tttagagaat 2832

gtagaccaga taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt 2892

cttttttcca aacagtaggt ttcatccaag accatttgaa gaactgcaaa ctcttttctt 2952

tagaaaagaa agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3008

<210> 79

<211> 611

<212> PRT



<213> Homo sapiens

<400> 79

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu

1 5 10 15

Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val

20 25 30

Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg

35 40 45

Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg

50 55 60

Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala

65 70 75 80

Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu

85 90 95

Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser

100 105 110

Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe

115 120 125

Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe

130 135 140

Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu  
145 150 155 160

Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys  
165 170 175

Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe  
180 185 190

Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val  
195 200 205

Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile  
210 215 220

Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys  
225 230 235 240

His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg  
245 250 255

Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln  
260 265 270

Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser  
275 280 285

Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu

290

295

300

Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys

305

310

315

320

Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe

325

330

335

Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln

340

345

350

Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe

355

360

365

Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser

370

375

380

Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu

385

390

395

400

Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr

405

410

415

Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp

420

425

430

Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly

435

440

445

Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr  
450 455 460

Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val  
465 470 475 480

Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro  
485 490 495

Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn  
500 505 510

Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala  
515 520 525

Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro  
530 535 540

Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile  
545 550 555 560

Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu  
565 570 575

Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met  
580 585 590

Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu  
595 600 605

Val Lys Ser

610

<210> 80

<211> 3007

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (629)..(2461)

<400> 80

cgtaccgtcg cggatttcgg cggcggaaac atggcggtcg cggccgggcc ggtaacggag 60

aaagtttacg ccgacactgg cctgtattag cgcgtatggc ctcgggccct cgttccccaa 120

ggcgtgccgc ctccctgttc tcagtcgcag gctgaagcct tgtctgtctt cctccttttt 180

ggtttggttt tggaactgac tccgagggtt gggagagcgc gttggtggcg acggccgagt 240

cagatcacta taaacaaaat ttccacaaga gaaaatgttg aaataggagt tgcggataca 300

ttggatatac tggatgaaat acaagcggtt aatttttgta acgtgaggga aaagcccaca 360

ttgctggtta catgtgtaaa tcactgcgtt attgcttttag tcattgtctc tatttagcaa 420

tgacaagact ggaagaagta aatagagaag tgaacatgca ttcttcagtg cggtatcttg 480

ctatttagcc agaatacaatt tattggttgc tatatgctta ggtctatacg taagatggga 540

aaaaacagca aattccttaa ttttggtaat ttttattctt ggtctttttg ttcttggaat 600

cgccagcata ctctattact atttttca atg gaa gca gca agt tta agt ctc 652

Met Glu Ala Ala Ser Leu Ser Leu

1

5

tcc aat ctt tgg ttt gga ttc ttg ctt ggc ctc cta tgt ttt ctt gat 700

Ser Asn Leu Trp Phe Gly Phe Leu Leu Gly Leu Leu Cys Phe Leu Asp

10

15

20

aat tca tcc ttt aaa aat gat gta aaa gaa gaa tca acc aaa tat ttg 748

Asn Ser Ser Phe Lys Asn Asp Val Lys Glu Glu Ser Thr Lys Tyr Leu

25

30

35

40

ctt cta aca tcc ata gtg tta agg ata ttg tgc tct ctg gtg gag aga 796

Leu Leu Thr Ser Ile Val Leu Arg Ile Leu Cys Ser Leu Val Glu Arg

45

50

55

att tct ggt tat gtc cgt cat cgg ccc act tta cta acc aca gtt gaa 844

Ile Ser Gly Tyr Val Arg His Arg Pro Thr Leu Leu Thr Thr Val Glu

60

65

70

ttt ctg gag ctt gtt gga ttt gcc att gcc agc aca act atg ttg gtg 892

Phe Leu Glu Leu Val Gly Phe Ala Ile Ala Ser Thr Thr Met Leu Val

75

80

85

gag aag tct ctg agt gtc att ttg ctt gtt gta gct ctg gct atg ctg 940

Glu Lys Ser Leu Ser Val Ile Leu Leu Val Val Ala Leu Ala Met Leu

90

95

100

att att gat ctg aga atg aaa tct ttc tta gct att cca aac tta gtt 988

Ile Ile Asp Leu Arg Met Lys Ser Phe Leu Ala Ile Pro Asn Leu Val

105

110

115

120

att ttt gca gtt ttg tta ttt ttt tcc tca ttg gaa act ccc aaa aat 1036

Ile Phe Ala Val Leu Leu Phe Phe Ser Ser Leu Glu Thr Pro Lys Asn

125

130

135

ccg att gct ttt gcg tgt ttt ttt att tgc ctg ata act gat cct ttc 1084

Pro Ile Ala Phe Ala Cys Phe Phe Ile Cys Leu Ile Thr Asp Pro Phe

140

145

150

ctt gac att tat ttt agt gga ctt tca gta act gaa aga tgg aaa ccc 1132

Leu Asp Ile Tyr Phe Ser Gly Leu Ser Val Thr Glu Arg Trp Lys Pro

155

160

165

ttt ttg tac cgt gga aga att tgc aga aga ctt tca gtc gtt ttt gct 1180

Phe Leu Tyr Arg Gly Arg Ile Cys Arg Arg Leu Ser Val Val Phe Ala

170

175

180

gga atg att gag ctt aca ttt ttt att ctt tcc gca ttc aaa ctt aga 1228

Gly Met Ile Glu Leu Thr Phe Phe Ile Leu Ser Ala Phe Lys Leu Arg

185

190

195

200

gac act cac ctc tgg tat ttt gta ata cct ggc ttt tcc att ttt gga 1276  
 Asp Thr His Leu Trp Tyr Phe Val Ile Pro Gly Phe Ser Ile Phe Gly  
 205 210 215

att ttc tgg atg att tgt cat att att ttt ctt tta act ctt tgg gga 1324  
 Ile Phe Trp Met Ile Cys His Ile Ile Phe Leu Leu Thr Leu Trp Gly  
 220 225 230

ttc cat acc aaa tta aat gac tgc cat aaa gta tat ttt act cac agg 1372  
 Phe His Thr Lys Leu Asn Asp Cys His Lys Val Tyr Phe Thr His Arg  
 235 240 245

aca gat tac aat agc ctt gat aga atc atg gca tcc aaa ggg atg cgc 1420  
 Thr Asp Tyr Asn Ser Leu Asp Arg Ile Met Ala Ser Lys Gly Met Arg  
 250 255 260

cat ttt tgc ttg att tca gag cag ttg gtg ttc ttt agt ctt ctt gca 1468  
 His Phe Cys Leu Ile Ser Glu Gln Leu Val Phe Phe Ser Leu Leu Ala  
 265 270 275 280

aca gcg att ttg gga gca gtt tcc tgg cag cca aca aat gga att ttc 1516  
 Thr Ala Ile Leu Gly Ala Val Ser Trp Gln Pro Thr Asn Gly Ile Phe  
 285 290 295

ttg agc atg ttt cta atc gtt ttg cca ttg gaa tcc atg gct cat ggg 1564  
 Leu Ser Met Phe Leu Ile Val Leu Pro Leu Glu Ser Met Ala His Gly  
 300 305 310

ctc ttc cat gaa ttg ggt aac tgt tta gga gga aca tct gtt gga tat 1612



Leu Phe His Glu Leu Gly Asn Cys Leu Gly Gly Thr Ser Val Gly Tyr

315

320

325

gct att gtg att ccc acc aac ttc tgc agt cct gat ggt cag cca aca 1660

Ala Ile Val Ile Pro Thr Asn Phe Cys Ser Pro Asp Gly Gln Pro Thr

330

335

340

ctg ctt ccc cca gaa cat gta cag gag tta aat ttg agg tct act ggc 1708

Leu Leu Pro Pro Glu His Val Gln Glu Leu Asn Leu Arg Ser Thr Gly

345

350

355

360

atg ctc aat gct atc caa aga ttt ttt gca tat cat atg att gag acc 1756

Met Leu Asn Ala Ile Gln Arg Phe Phe Ala Tyr His Met Ile Glu Thr

365

370

375

tat gga tgt gac tat tcc aca agt gga ctg tca ttt gat act ctg cat 1804

Tyr Gly Cys Asp Tyr Ser Thr Ser Gly Leu Ser Phe Asp Thr Leu His

380

385

390

tcc aaa cta aaa gct ttc ctc gaa ctt cgg aca gtg gat gga ccc aga 1852

Ser Lys Leu Lys Ala Phe Leu Glu Leu Arg Thr Val Asp Gly Pro Arg

395

400

405

cat gat acg tat att ttg tat tac agt ggg cac acc cat ggt aca gga 1900

His Asp Thr Tyr Ile Leu Tyr Tyr Ser Gly His Thr His Gly Thr Gly

410

415

420

gag tgg gct cta gca ggt gga gat aca cta cgc ctt gac aca ctt ata 1948

Glu Trp Ala Leu Ala Gly Gly Asp Thr Leu Arg Leu Asp Thr Leu Ile

|   |     |     |     |      |
|---|-----|-----|-----|------|
| 425   | 430 | 435 | 440 |      |
| gaa tgg tgg aga gaa aag aat ggt tcc ttt tgt tcc cgg ctt att atc |     |     |     | 1996 |
| Glu Trp Trp Arg Glu Lys Asn Gly Ser Phe Cys Ser Arg Leu Ile Ile |     |     |     |      |
|   | 445 | 450 | 455 |      |
| gta tta gac agc gaa aat tca acc cct tgg gtg aaa gaa gtg agg aaa |     |     |     | 2044 |
| Val Leu Asp Ser Glu Asn Ser Thr Pro Trp Val Lys Glu Val Arg Lys |     |     |     |      |
|   | 460 | 465 | 470 |      |
| att aat gac cag tat att gca gtg caa gga gca gag ttg ata aaa aca |     |     |     | 2092 |
| Ile Asn Asp Gln Tyr Ile Ala Val Gln Gly Ala Glu Leu Ile Lys Thr |     |     |     |      |
|   | 475 | 480 | 485 |      |
| gta gat att gaa gaa gct gac ccg cca cag cta ggt gac ttt aca aaa |     |     |     | 2140 |
| Val Asp Ile Glu Glu Ala Asp Pro Pro Gln Leu Gly Asp Phe Thr Lys |     |     |     |      |
|   | 490 | 495 | 500 |      |
| gac tgg gta gaa tat aac tgc aac tcc agt aat aac atc tgc tgg act |     |     |     | 2188 |
| Asp Trp Val Glu Tyr Asn Cys Asn Ser Ser Asn Asn Ile Cys Trp Thr |     |     |     |      |
| 505   | 510 | 515 | 520 |      |
| gaa aag gga cgc aca gtg aaa gca gta tat ggt gtg tca aaa cgg tgg |     |     |     | 2236 |
| Glu Lys Gly Arg Thr Val Lys Ala Val Tyr Gly Val Ser Lys Arg Trp |     |     |     |      |
|   | 525 | 530 | 535 |      |
| agt gac tac act ctg cat ttg cca acg gga agc gat gtg gcc aag cac |     |     |     | 2284 |
| Ser Asp Tyr Thr Leu His Leu Pro Thr Gly Ser Asp Val Ala Lys His |     |     |     |      |
|   | 540 | 545 | 550 |      |

tgg atg tta cac ttt cct cgt att aca tat ccc cta gtg cat ttg gca 2332

Trp Met Leu His Phe Pro Arg Ile Thr Tyr Pro Leu Val His Leu Ala

555

560

565

aat tgg tta tgc ggt ctg aac ctt ttt tgg atc tgc aaa act tgt ttt 2380

Asn Trp Leu Cys Gly Leu Asn Leu Phe Trp Ile Cys Lys Thr Cys Phe

570

575

580

agg tgc ttg aaa aga tta aaa atg agt tgg ttt ctt cct act gtg ctg 2428

Arg Cys Leu Lys Arg Leu Lys Met Ser Trp Phe Leu Pro Thr Val Leu

585

590

595

600

gac aca gga caa ggc ttc aaa ctt gtc aaa tct taatttggac cccaaagcgg 2481

Asp Thr Gly Gln Gly Phe Lys Leu Val Lys Ser

605

610

gatattaata agcactcata ctaccaatta tcactaactt gccatttttt gtatgctgta 2541

tttttatttg tggaaaatac ctgctactt ctgtagctgc tctcacttg tcttttctta 2601

agtaattatg gtatatataa ggcgttggga aaaaacattt tataatgaaa gtatgtaggg 2661

agtcaaatgc ttactgtaaa tgcataagag acgttaaaaa taacactgca ctttcaggaa 2721

tgtttgctta tggctctgat tagaaagaaa cagttgtcta tgctctgcaa tgggtcaatga 2781

tgaattacta atgccttatt ttctaggcat ataataatag tttagagaat gtagaccaga 2841

taaatttggt tactgtttta agaaaactac cagtttactt acagaagatt cttttttcca 2901

aacagtaggt ttcatccaag accatttgaa gaactgcaaa ctctttctct tagaaaagaa 2961

agagggcagc ctaaaataaa cgcaaaattt gcttatactc catcac 3007

<210> 81

<211> 184

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 81

Met Thr Ser Phe Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu

1 5 10 15

Gln Met Thr Val Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln

20 25 30

Ser Ile Ser Phe Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys

35 40 45

Phe Gly Arg Asn Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln

50 55 60

Val Ser Arg Val Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser

65 70 75 80

Ser Val Leu Ser Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu

85

90

95

Ile Val Asp Ser Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro

100

105

110

Tyr Arg Cys Met Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys

115

120

125

Glu Asp Gly Glu Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser

130

135

140

Pro Arg Ser Leu Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile

145

150

155

160

Pro Glu Tyr Gly Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro

165

170

175

Thr Glu Met Asp Glu Asn Glu Ser

180

<210> 82

<211> 1617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (285)..(836)

<400> 82

tttttcaaaa ggccccgggc gcgagaggac gtgctctgcc agccagtggg aaggcaggcc 60

gcgcgcgcgg gagcgcggga ggatcggcgg ctgcggtca ctggtccttg gctcggttcc 120

ccgcaccccg gggctcacac ttaccgcgc ggaggagcag cggccgggtg tccaccccca 180

tcctgcgccc agtctcctcg attcccctcg ctctgagccg ggagagccga acagctgaag 240

agagttcact gactccccag ccccagggtg gccttgtgca catc atg acc agt ttt 296

Met Thr Ser Phe

1

gaa gat gct gac aca gaa gag aca gta act tgt ctc cag atg acg gtt 344

Glu Asp Ala Asp Thr Glu Glu Thr Val Thr Cys Leu Gln Met Thr Val

5 10 15 20

tac cat cct ggc cag ttg cag tgt gga ata ttt cag tca ata agt ttt 392

Tyr His Pro Gly Gln Leu Gln Cys Gly Ile Phe Gln Ser Ile Ser Phe

25 30 35

aac aga gag aaa ctc cct tcc agc gaa gtg gtg aaa ttt ggc cga aat 440

Asn Arg Glu Lys Leu Pro Ser Ser Glu Val Val Lys Phe Gly Arg Asn

40 45 50

tcc aac atc tgt cat tat act ttt cag gac aaa cag gtt tcc cga gtt 488

Ser Asn Ile Cys His Tyr Thr Phe Gln Asp Lys Gln Val Ser Arg Val

55 60 65

cag ttt tct ctg cag ctg ttt aaa aaa ttc aac agc tca gtt ctc tcc 536

Gln Phe Ser Leu Gln Leu Phe Lys Lys Phe Asn Ser Ser Val Leu Ser

70

75

80

ttt gaa ata aaa aat atg agt aaa aag acc aat ctg atc gtg gac agc 584

Phe Glu Ile Lys Asn Met Ser Lys Lys Thr Asn Leu Ile Val Asp Ser

85

90

95

100

aga gag ctg ggc tac cta aat aaa atg gac ctg cca tac agg tgc atg 632

Arg Glu Leu Gly Tyr Leu Asn Lys Met Asp Leu Pro Tyr Arg Cys Met

105

110

115

gtc aga ttc gga gag tat cag ttt ctg atg gag aag gaa gat ggc gag 680

Val Arg Phe Gly Glu Tyr Gln Phe Leu Met Glu Lys Glu Asp Gly Glu

120

125

130

tca ttg gaa ttt ttt gag act caa ttt att tta tct cca aga tca ctc 728

Ser Leu Glu Phe Phe Glu Thr Gln Phe Ile Leu Ser Pro Arg Ser Leu

135

140

145

ttg caa gaa aac aac tgg cca cca cac agg ccc ata ccg gag tat ggc 776

Leu Gln Glu Asn Asn Trp Pro Pro His Arg Pro Ile Pro Glu Tyr Gly

150

155

160

act tat tcg ctc tgc tcc tcc caa agc agt tct ccg aca gaa atg gat 824

Thr Tyr Ser Leu Cys Ser Ser Gln Ser Ser Ser Pro Thr Glu Met Asp

165

170

175

180

gaa aat gag tca tgaacacaga aagtctaaga ggagaaatat gatggatgaa 876

Glu Asn Glu Ser

gagctctgta gatgctgtat agacactaaa taagagtga ttagggtagt atattatagt 936

catctgttat gctgtgaaat ttggaattca gtattatcat tttgaagtct gtaaattgtg 996

ttagtcatta acttagtcac ctgttgatt ctggatctac acaaaattat tttactgct 1056

cttattaatc tgtgaggatt aatatacaaa aagtatcctt tgagatgaag tcgtgttctc 1116

aaaataaggt tatattatct tcttttctg ctgtatttc atcttgtgtt ttgctttgtt 1176

tttgaagga accatctctt gggttggtca catcagtcca caacagccat ttgttttcaa 1236

ggccaaggct ccaggcaggt tgttactggt gtttcagcc tgcagtact tgcagtactg 1296

gaataggctc taggctagt tctgcgcgc actgtggtt tagcatggga ggacttattt 1356

gagaaatact accttacttt tctatgattt ctttttacag agttatagtg tgtttactcc 1416

taagatgaca gttctctttg tctatattca gcatctaaga caaatattta aacattttta 1476

agaaccactg tgttaagttt aggattattt acttaccaaa ttagaagttt gacttttatg 1536

tgttatacac aatcttaaaa tttcacgaat tcacctttt aatagtatcc atgtacataa 1596

taaaatcaaa gtttaattag c 1617



<210> 83

<211> 392

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 83

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

|   |     |         |
|---|-----|---------|
| 115   | 120 | 125     |
| Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser |     |         |
| 130   | 135 | 140     |
| Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg |     |         |
| 145   | 150 | 155 160 |
| Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln |     |         |
| 165   | 170 | 175     |
| Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser |     |         |
| 180   | 185 | 190     |
| Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser |     |         |
| 195   | 200 | 205     |
| Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met |     |         |
| 210   | 215 | 220     |
| Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr |     |         |
| 225   | 230 | 235 240 |
| Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser |     |         |
| 245   | 250 | 255     |
| Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu |     |         |
| 260   | 265 | 270     |

Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr  
275 280 285

Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu  
290 295 300

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly  
305 310 315 320

Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala  
325 330 335

Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val  
340 345 350

Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg  
355 360 365

Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro  
370 375 380

Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val  
385 390

<210> 84

<211> 1898

<212> DNA

<213> Homo sapiens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (119)..(1294)

&lt;400&gt; 84

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggcggcggga gcgcaggggg 60

cgcgcgggccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca cccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1

5

10

15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20

25

30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35

40

45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742  
 Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser  
 195 200 205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790  
 Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met  
 210 215 220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838  
 Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr  
 225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886  
 Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser  
 245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934  
 Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu  
 260 265 270

ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa cag ggg gcc cta ctg gag gga acc 982  
 Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr  
 275 280 285

cgc ttc atg ggg cga cac agt gag ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc 1030  
 Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu  
 290 295 300

tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag ctc ttc atc ttt tac acc att ggg 1078

Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly  
305 310 315 320

cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc atc atc atg acc ctc cgc cag gcc 1126  
Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala  
325 330 335

ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt ctc tat ggc cac act gtc act gtg 1174  
Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val  
340 345 350

gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga 1222  
Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg  
355 360 365

gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag caa cgg gga aag aag gct gtg cct 1270  
Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro  
370 375 380

gtt gag tct cct gtg cag aag gtt tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt 1324  
Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val  
385 390

gaaataggac cctccacca tccccttctg ctgtaacctc tgaggagct ggctgaaagg 1384

gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca gaccagctct gcagcagggg attggggagc 1444

ccaggaggca gccttccctt ttgccttaag tcacccatct tccagtaagc agttttattct 1504

gagccccggg ggtagacagt cctcagttag gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc 1564

ataggtaggt tccacagtta ctcttccac aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc 1624

tctgccacct tccagactca ctccccctg caaataacctg catttcttac cctgggtgaga 1684

aaagcacaag cgggtgtaggc tccaatgctg ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg 1744

ctgaggaaag gggatgcaga gccctgccca gcaccaccac ctcctatgct cctggatccc 1804

taggctctgt tccatgagcc tgttgtaggt tttggtactt tagaaatgta actttttgct 1864

cttataattt tattttatta aattaaatta ctgc 1898

<210> 85

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 85

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45



Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50

55

60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65

70

75

80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85

90

95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100

105

110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr

225

230

235

240

Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser

245

250

255

Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu

260

265

270

Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp

275

280

285

Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe

290

295

300

Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu

305

310

315

320

Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu

325

330

335

Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln

340

345

350

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr  
 355 360 365

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu  
 370 375 380

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val  
 385 390 395 400

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys  
 405 410 415

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val  
 420 425 430

<210> 86

<211> 2018

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (119)..(1414)

<400> 86

acttccgctg gccgctggct cgctggccgc tcctggaggc ggCggcgga gcgcaggggg 60

cgcgcgcccc ggggactcgc attccccggt tccccctcca cccacgcgg cctggacc 118

atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 166

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 214

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 262

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45

ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac 310

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt 358

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc 406

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg 454

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg 502  
Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115

120

125

ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca 550  
Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130

135

140

ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga 598  
Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145

150

155

160

gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag 646  
Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165

170

175

ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc 694  
Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser

180

185

190

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc 742  
Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser

195

200

205

ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg 790  
Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met

210

215

220

ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac 838

Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr  
225 230 235 240

ctg aca gcc acc ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc 886  
Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser  
245 250 255

agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc 934  
Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu  
260 265 270

atc tta ctg gca ggt tat att gct ttt gac agc ttc acc tca aac tgg 982  
Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp  
275 280 285

cag gat gcc ctg ttt gcc tat aag atg tca tcg gtg cag atg atg ttt 1030  
Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe  
290 295 300

ggg gtc aat ttc ttc tcc tgc ctc ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa 1078  
Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu  
305 310 315 320

cag ggg gcc cta ctg gag gga acc cgc ttc atg ggg cga cac agt gag 1126  
Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu  
325 330 335

ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag 1174  
Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln

340

345

350

ctc ttc atc ttt tac acc att ggg cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc 1222

Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr

355

360

365

atc atc atg acc ctc cgc cag gcc ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt 1270

Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu

370

375

380

ctc tat ggc cac act gtc act gtg gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg 1318

Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val

385

390

395

400

gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag 1366

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405

410

415

caa cgg gga aag aag gct gtg cct gtt gag tct cct gtg cag aag gtt 1414

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420

425

430

tgagggtgga aagggcctga ggggtgaagt gaaataggac cctcccacca tccccttctg 1474

ctgtaacctc tgaggagct ggctgaaagg gcaaaatgca ggtgttttct cagtatcaca 1534

gaccagctct gcagcagggg attggggagc ccaggaggca gccttcctt ttgccttaag 1594

tcacccatct tccagtaagc agtttattct gagccccggg ggtagacagt cctcagttag 1654

gggttttggg gagtttgggg tcaagagagc ataggtaggt tccacagtta ctcttccac 1714

aagttccctt aagtcttgcc ctagctgtgc tctgccacct tccagactca ctcccctctg 1774

caaatactg catttcttac cctgggtgaga aaagcacaag cggtgtaggc tccaatgctg 1834

ctttcccagg aggggtgaaga tgggtgctgtg ctgaggaaag gggatgcaga gccctgcca 1894

gcaccaccac ctcttatgct cctggatccc taggctctgt tccatgagcc tgttgagggt 1954

tttgggtactt tagaaatgta actttttgct cttataattt tattttatta aattaaatta 2014

ctgc 2018

<210> 87

<211> 235

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 87

Met Gly Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser

1 5 10 15

Trp Gly Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser

20 25 30

Asp Ser Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His



35

40

45

Ser Asn Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser

50

55

60

Val Glu Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys

65

70

75

80

Phe Val Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val

85

90

95

Gln Asn Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe

100

105

110

Ala Glu Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala

115

120

125

Val Asn Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu

130

135

140

Arg Asp Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser

145

150

155

160

Val Asn Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu

165

170

175

Asn Asn Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile

180

185

190

Asn Ala Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg  
 195 200 205

Ile Phe Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu  
 210 215 220

Thr Arg Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala  
 225 230 235

<210> 88

<211> 2717

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (111)..(815)

<400> 88

aaaaggaaga cagaaaagcc gcgggctgac tgtggtggcg ctcgcctgca gattgaaaag 60

aaatgctgag aaatacataa agttttcctc ttctgccttg gatatttata atg ggt 116

Met Gly

1

atc ggg aag tct aaa ata aat tcc tgc cct ctt tct ctc tct tgg ggt 164

Ile Gly Lys Ser Lys Ile Asn Ser Cys Pro Leu Ser Leu Ser Trp Gly

5

10

15

aaa agg cac agt gtg gat aca agt cca gga tat cat gag tca gat tcc 212

Lys Arg His Ser Val Asp Thr Ser Pro Gly Tyr His Glu Ser Asp Ser

20

25

30

aag aag tct gaa gat cta tcc ttg tgt aat gtt gct gag cac agc aat 260

Lys Lys Ser Glu Asp Leu Ser Leu Cys Asn Val Ala Glu His Ser Asn

35

40

45

50

aca aca gag ggg cca aca gga aag cag gag gga gct cag agc gtg gaa 308

Thr Thr Glu Gly Pro Thr Gly Lys Gln Glu Gly Ala Gln Ser Val Glu

55

60

65

gag atg ttt gaa gaa gaa gct gaa gaa gag gtg ttc ctc aaa ttt gtg 356

Glu Met Phe Glu Glu Glu Ala Glu Glu Glu Val Phe Leu Lys Phe Val

70

75

80

ata ttg cat gca gaa gat gac aca gat gaa gcc ctc aga gtc cag aat 404

Ile Leu His Ala Glu Asp Asp Thr Asp Glu Ala Leu Arg Val Gln Asn

85

90

95

ctg cta caa gat gac ttt ggt atc aaa ccc gga ata atc ttt gct gag 452

Leu Leu Gln Asp Asp Phe Gly Ile Lys Pro Gly Ile Ile Phe Ala Glu

100

105

110

atg cca tgt ggc aga cag cat tta cag aat tta gat gat gct gta aat 500

Met Pro Cys Gly Arg Gln His Leu Gln Asn Leu Asp Asp Ala Val Asn

115

120

125

130

ggg tct gca tgg aca atc tta tta ctg act gaa aac ttt tta aga gat 548  
Gly Ser Ala Trp Thr Ile Leu Leu Leu Thr Glu Asn Phe Leu Arg Asp

135 140 145

act tgg tgt aat ttc cag ttc tat acg tcc cta atg aac tcc gtt aac 596  
Thr Trp Cys Asn Phe Gln Phe Tyr Thr Ser Leu Met Asn Ser Val Asn

150 155 160

agg cag cat aaa tac aac tct gtt ata ccc atg cgg ccc ctg aac aat 644  
Arg Gln His Lys Tyr Asn Ser Val Ile Pro Met Arg Pro Leu Asn Asn

165 170 175

ccc ctt ccc cga gaa agg act ccc ttt gcc ctc caa acc atc aat gcc 692  
Pro Leu Pro Arg Glu Arg Thr Pro Phe Ala Leu Gln Thr Ile Asn Ala

180 185 190

tta gag gaa gaa agt cgt gga ttt cct aca caa gta gaa aga att ttt 740  
Leu Glu Glu Glu Ser Arg Gly Phe Pro Thr Gln Val Glu Arg Ile Phe

195 200 205 210

cag gag tct gtg tat aag aca caa caa act ata tgg aaa gag aca aga 788  
Gln Glu Ser Val Tyr Lys Thr Gln Gln Thr Ile Trp Lys Glu Thr Arg

215 220 225

aat atg gta caa aga caa ttt att gcc tgagatgaaa catataacat 835  
Asn Met Val Gln Arg Gln Phe Ile Ala

230 235

gtggctggct cttgttttgt aaaccaaagtg attaatcttc acttgagaaa gcagtttcta 895

ggaaatgttt aaataaaaga gagtcttcac cttaaagaaa cctatggagc acaagaaaga 955  
taaatttctg caggacagcc tataaaattg tggactttt tgatgtttca gtaaacttga 1015  
cattgtcaga gtttcaagga cttttctttc acaattttcc tagttcatgg atatgaaaaa 1075  
ggaattctca atccatattc ctgtattga acctgaaca aaaacttgta tgacagacat 1135  
ttttaaaaat gtgacaacac ttttattctc tgaattttga tctcaaagga cacagaaaaa 1195  
aaatggcccc aggagatctg atcacacttc ctctgaggc acctctcatg gatgttgcaa 1255  
taagcattcg ggtactatca cccagaaata tgaattgcc aatagaaca tttagcatgt 1315  
taagcgttga tgcatataaa atcagaaata gatgtgagaa tggtggaact ttttaaaaga 1375  
accagtcaa atgtattttc tgctgaaatc tgcatatttg gaggcatttc ccaccaccga 1435  
ttcacagccc atttgatagt gtggtagtta gggacttcgt ggagtgggtg tcagacgtcc 1495  
cctggggctt aaatctcttc atattagtca tcatttgtaa ctatggcttt atttgcagag 1555  
cttctaaaag gcgtataact gtgtgagtgg ccagatattc actttttaga tcaaaaacct 1615  
ctcttatgga agctttaaaa gtttccgtca cacacaattc tcttctcagg aagtatttct 1675  
catttaggtc ttcaaagtag cctgactgtg tgcatgtgtg tgtgtgatag gttatttata 1735

aagacttttg atagaaggag atgtatttta ttacctccta ttctagagcc ccatgctcct 1795  
aacaagccag agaggcccca aacaggattg tttctttcct ccacagccct tctgcccac 1855  
tgagattgag ggagcatcgt ccacttgaga tcagggatgg ggtggagaat gggatcatgtc 1915  
atgtaatgag aaaagccctc ttcgggatca tgagacttgg ttctagtcca atttctgcca 1975  
ctgaggatga atgtaactgt gggcaaacta tttaccctcc tttatctgtg aaatgaaagg 2035  
gttgaattga tggatctcta aaggcttttg tctctatga ggatgtgaaa aactagggac 2095  
cacaaaaggg aacaagcaaa aaagtttga ttcgataaag tgatatgtaa tagttgcaga 2155  
aggctttata tatgcttata atgaaaagat attttttgta tattgacagc ataatttatt 2215  
ttaaagctg tcattacact taaagtcaca ggaaaaaat atacatgctt actcaggctt 2275  
tcttaaaaat aaatttttat agagatcctt gagtaaagac attttgctta atttcttttt 2335  
tcttattccc cacttgata tcccctacca gtaccgggat ctgcacacat ctttttgcag 2395  
ttacctcttc atagccatga accaaaacgt tctatgagga gcatgcaagt aagtcaagcc 2455  
tcctattctg ttagtactta ttagaggagg agatggtttt cattgcatag tgacattttc 2515  
ttagccttaa cgttctgata gtagcttact actcacttct ctttttcagt tttcataata 2575  
agtattcatt tttttgcat aatgcttcct gtaaagccaa ttttatatac taataaaaca 2635

tgaactgccc actcttcacg cctgccaaac ttggggcaat tgatgctaaa tggatatttt 2695

aaaataaatg tttttattct tt

2717

<210> 89

<211> 245

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 89

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1

5

10

15

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20

25

30

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35

40

45

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

50

55

60

Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe

65

70

75

80

Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe

85

90

95

Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe

100

105

110

Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys

115

120

125

Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val

130

135

140

Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg

145

150

155

160

Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser

165

170

175

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180

185

190

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195

200

205

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210

215

220

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn

225

230

235

240

Gln Tyr Glu Ile Val



245

&lt;210&gt; 90

&lt;211&gt; 1793

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (60)..(794)

&lt;400&gt; 90

gcgtctcgct ctctgtgttc caatcgcccg gtgcggtggt gcagggtctc gggctagtc 59

atg gcg tcc ccg tct cgg aga ctg cag act aaa cca gtc att act tgt 107

Met Ala Ser Pro Ser Arg Arg Leu Gln Thr Lys Pro Val Ile Thr Cys

1

5

10

15

ttc aag agc gtt ctg cta atc tac act ttt att ttc tgg atc act ggc 155

Phe Lys Ser Val Leu Leu Ile Tyr Thr Phe Ile Phe Trp Ile Thr Gly

20

25

30

gtt atc ctt ctt gca gtt ggc att tgg ggc aag gtg agc ctg gag aat 203

Val Ile Leu Leu Ala Val Gly Ile Trp Gly Lys Val Ser Leu Glu Asn

35

40

45

tac ttt tct ctt tta aat gag aag gcc acc aat gtc ccc ttc gtg ctc 251

Tyr Phe Ser Leu Leu Asn Glu Lys Ala Thr Asn Val Pro Phe Val Leu

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 50  | 55  | 60  |     |
| att gct act ggt acc gtc att att ctt ttg ggc acc ttt ggt tgt ttt |     |     | 299 |
| Ile Ala Thr Gly Thr Val Ile Ile Leu Leu Gly Thr Phe Gly Cys Phe |     |     |     |
| 65  | 70  | 75  | 80  |
| gct acc tgc cga gct tct gca tgg atg cta aaa ctg tat gca atg ttt |     |     | 347 |
| Ala Thr Cys Arg Ala Ser Ala Trp Met Leu Lys Leu Tyr Ala Met Phe |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
| ctg act ctc gtt ttt ttg gtc gaa ctg gtc gct gcc atc gta gga ttt |     |     | 395 |
| Leu Thr Leu Val Phe Leu Val Glu Leu Val Ala Ala Ile Val Gly Phe |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 |     |
| gtt ttc aga cat gag att aag aac agc ttt aag aat aat tat gag aag |     |     | 443 |
| Val Phe Arg His Glu Ile Lys Asn Ser Phe Lys Asn Asn Tyr Glu Lys |     |     |     |
| 115   | 120 | 125 |     |
| gct ttg aag cag tat aac tct aca gga gat tat aga agc cat gca gta |     |     | 491 |
| Ala Leu Lys Gln Tyr Asn Ser Thr Gly Asp Tyr Arg Ser His Ala Val |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 |     |
| gac aag atc caa aat acg ttg cat tgt tgt ggt gtc acc gat tat aga |     |     | 539 |
| Asp Lys Ile Gln Asn Thr Leu His Cys Cys Gly Val Thr Asp Tyr Arg |     |     |     |
| 145   | 150 | 155 | 160 |
| gat tgg aca gat act aat tat tac tca gaa aaa gga ttt cct aag agt |     |     | 587 |
| Asp Trp Thr Asp Thr Asn Tyr Tyr Ser Glu Lys Gly Phe Pro Lys Ser |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 |     |

tgc tgt aaa ctt gaa gat tgt act cca cag aga gat gca gac aaa gta 635

Cys Cys Lys Leu Glu Asp Cys Thr Pro Gln Arg Asp Ala Asp Lys Val

180

185

190

aac aat gaa ggt tgt ttt ata aag gtg atg acc att ata gag tca gaa 683

Asn Asn Glu Gly Cys Phe Ile Lys Val Met Thr Ile Ile Glu Ser Glu

195

200

205

atg gga gtc gtt gca gga att tcc ttt gga gtt gct tgc ttc caa ctg 731

Met Gly Val Val Ala Gly Ile Ser Phe Gly Val Ala Cys Phe Gln Leu

210

215

220

att gga atc ttt ctc gcc tac tgc ctc tct cgt gcc ata aca aat aac 779

Ile Gly Ile Phe Leu Ala Tyr Cys Leu Ser Arg Ala Ile Thr Asn Asn

225

230

235

240

cag tat gag ata gtg taaccaatg tatctgtggg cctattctc tctaccttta 834

Gln Tyr Glu Ile Val

245

aggacattta gggcccccc tgtgaattag aaagttgctt ggctggagaa ctgacaacac 894

tacttactga tagaccaaaa aactacacca gtaggttgat tcaatcaaga tgtatgtaga 954

cctaaaacta caccaatagg ctgattcaat caagatccgt gctcgcagtg ggctgattca 1014

atcaagatgt atgtttgcta tgttctaagt ccaccttcta tccattcat gttagatcgt 1074

tgaaaccctg tatccctctg aaacactgga agagctagta aattgtaaat gaagtaatac 1134

tgtgttcctc ttgactgtta tttttcttag tagggggcct ttggaaggca ctgtgaattt 1194

gctattttga tgtagtgta caagatggaa aattgattcc tctgactttg ctattgatgt 1254

agtgtgatag aaaattcacc cctctgaact ggctccttcc cagtcaaggt tatctggttt 1314

gattgtataa tttgcaccaa gaagttaaaa tgttttatga ctctctgttc tgctgacagg 1374

cagagagtca cattgtgtaa ttttaatttca gtcagtcaat agatggcatc cctcatcagg 1434

gttgccagat ggtgataaca gtgtaaggcc ttgggtctaa ggcatccacg actggaaggg 1494

actactgatg ttctgtgata catcaggttt cagcacacaa cttacatttc tttgcctcca 1554

aattgaggca tttattatga tgttcatact ttcctcttg ttgaaagtt tctaattatt 1614

aaatggtgtc ggaattgttg tattttcctt aggaattcag tggaacttat cttcattaaa 1674

tttagctggt accaggttga tatgacttgt caatattatg gtcaacttta agtcttagtt 1734

ttcgtttgtg cctttgatta ataagtataa ctcttataca ataaatactg ctttcctct 1793

<210> 91

<211> 180

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 91

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys Arg Val Pro Met Glu Asp Gly

1 5 10 15

Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu

20 25 30

Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala

35 40 45

Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Met Glu Cys Arg

50 55 60

Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly

65 70 75 80

Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala Thr Cys Asn His Thr Val Met

85 90 95

Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys

100 105 110

Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr Thr Leu Asn His Lys Leu Gln

115 120 125

Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu

130 135 140

Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Lys Tyr Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser  
145 150 155 160

Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser  
165 170 175

Ala Leu Leu Gln  
180

<210> 92

<211> 970

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(565)

<400> 92

tttttcagct aaaggggaga tctgg atg gca tct act tcg tat gac tat tgc 52

Met Ala Ser Thr Ser Tyr Asp Tyr Cys

1

5

aga gtg ccc atg gaa gac ggg gat aag cgc tgt aag ctt ctg ctg ggg 100

Arg Val Pro Met Glu Asp Gly Asp Lys Arg Cys Lys Leu Leu Leu Gly

10

15

20

25

ata gga att ctg gtg ctc ctg atc atc gtg att ctg ggg gtg ccc ttg 148

Ile Gly Ile Leu Val Leu Leu Ile Ile Val Ile Leu Gly Val Pro Leu

30 35 40

att atc ttc acc atc aag gcc aac agc gag gcc tgc cgg gac ggc ctt 196

Ile Ile Phe Thr Ile Lys Ala Asn Ser Glu Ala Cys Arg Asp Gly Leu

45 50 55

cgg gca gtg atg gag tgt cgc aat gtc acc cat ctc ctg caa caa gag 244

Arg Ala Val Met Glu Cys Arg Asn Val Thr His Leu Leu Gln Gln Glu

60 65 70

ctg acc gag gcc cag aag ggc ttt cag gat gtg gag gcc cag gct gcc 292

Leu Thr Glu Ala Gln Lys Gly Phe Gln Asp Val Glu Ala Gln Ala Ala

75 80 85

acc tgc aac cac act gtg atg gcc cta atg gct tcc ctg gat gca gag 340

Thr Cys Asn His Thr Val Met Ala Leu Met Ala Ser Leu Asp Ala Glu

90 95 100 105

aag gcc caa gga caa aag aaa gtg gag gag ctt gag gga gag atc act 388

Lys Ala Gln Gly Gln Lys Lys Val Glu Glu Leu Glu Gly Glu Ile Thr

110 115 120

aca tta aac cat aag ctt cag gac gcg tct gca gag gtg gag cga ctg 436

Thr Leu Asn His Lys Leu Gln Asp Ala Ser Ala Glu Val Glu Arg Leu

125 130 135

aga aga gaa aac cag gtc tta agc gtg aga atc gcg gac aag aag tac 484

Arg Arg Glu Asn Gln Val Leu Ser Val Arg Ile Ala Asp Lys Lys Tyr

140

145

150

tac ccc agc tcc cag gac tcc agc tcc gct gcg gcg ccc cag ctg ctg 532

Tyr Pro Ser Ser Gln Asp Ser Ser Ser Ala Ala Ala Pro Gln Leu Leu

155

160

165

att gtg ctg ctg ggc ctc agc gct ctg ctg cag tgagatccca ggaagctggc 585

Ile Val Leu Leu Gly Leu Ser Ala Leu Leu Gln

170

175

180

acatcttgga aggtccgtcc tgctcggtt ttcgcttgaa cattcccttg atctcatcag 645

ttctgagcgg gtcattggggc aacacggtta gcggggagag cacggggtag ccggagaagg 705

gcctctggag caggtctgga ggggccatgg ggcagtcctg ggtgtgggga cacagtcggg 765

ttgaccagg gctgtctccc tccagagcct ccctccggac aatgagtccc ccctcttgct 825

tcccaccctg agattgggca tggggtgcgg tgtggggggc atgtgctgcc tgttggtatg 885

ggtttttttt gcgggggggg ttgctttttt ctggggtctt tgagctccaa aaaataaaca 945

cttcctttga gggagagcac acctt

970

<210> 93

<211> 331

<212> PRT

<213> Homo sapiens



<400> 93

Met Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe

1 5 10 15

Arg Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn

20 25 30

Glu Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu

35 40 45

Ala Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala

50 55 60

Ile Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp

65 70 75 80

Phe Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile

85 90 95

Glu Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly

100 105 110

Cys Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly

115 120 125

Ile Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr

130 135 140

Ser Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala  
145 150 155 160

Val Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser  
165 170 175

Ala Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu  
180 185 190

Lys Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser  
195 200 205

Leu Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile  
210 215 220

Arg Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr  
225 230 235 240

Trp Arg Ile Ser Ala Gly Ser Gly Gly Gln Ala Glu Arg Thr Ile Ala  
245 250 255

Gly Thr Thr Arg Ala Val Ser Arg Gly Ala Arg Ile Leu Ser Ala Thr  
260 265 270

Thr Ser Gly Ile Phe Leu Ala Leu Asp Val Val Asn Leu Val Tyr Glu  
275 280 285

Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Ala Ser Ala Glu Glu Leu  
290 295 300

Arg Arg Gln Ala Gln Glu Leu Glu Glu Asn Leu Met Glu Leu Thr Gln  
305 310 315 320

Ile Tyr Gln Arg Leu Asn Pro Cys His Thr His  
325 330

<210> 94

<211> 2039

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (175)..(1167)

<400> 94

attatgcaga tgcacggctg gaggtgggat ccacacagct cagaacagct ggatcttgc 60

cacactcttt caagagaagc ttccttgggt taagaaaaaa aacgaaccct tccagtcagg 120

tcagtgactg gagagctcca aggaaagtct ctcagtgacc tggctgctgg cacc atg 177

Met

1

gac tca gaa aag aaa cgc ttt act gaa gag gcc acc aaa tac ttc cgg 225

Asp Ser Glu Lys Lys Arg Phe Thr Glu Glu Ala Thr Lys Tyr Phe Arg

5

10

15

gag aga gtc agc cca gtg cat ctg caa atc ctg ctg act aac aat gaa 273

Glu Arg Val Ser Pro Val His Leu Gln Ile Leu Leu Thr Asn Asn Glu

20

25

30

gcc tgg aag aga ttc gtg act gcg gct gaa ttg ccc agg gat gag gca 321

Ala Trp Lys Arg Phe Val Thr Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asp Glu Ala

35

40

45

gat gct ctc tac gaa gct ctg aag aag ctt aga aca tat gca gct att 369

Asp Ala Leu Tyr Glu Ala Leu Lys Lys Leu Arg Thr Tyr Ala Ala Ile

50

55

60

65

gag gac gaa tat gtg cag cag aaa gat gag cag ttt agg gaa tgg ttt 417

Glu Asp Glu Tyr Val Gln Gln Lys Asp Glu Gln Phe Arg Glu Trp Phe

70

75

80

ttg aaa gag ttt ccc caa gtc aag agg aag atc cag gag tcc ata gaa 465

Leu Lys Glu Phe Pro Gln Val Lys Arg Lys Ile Gln Glu Ser Ile Glu

85

90

95

aag ctt cgt gcc ctt gca aat ggt att gaa gag gtc cac aga ggc tgc 513

Lys Leu Arg Ala Leu Ala Asn Gly Ile Glu Glu Val His Arg Gly Cys

100

105

110

acc atc tcc aac gtg gtg tcc agc tcc act ggc gct gcc tct ggc atc 561

Thr Ile Ser Asn Val Val Ser Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ser Gly Ile

115

120

125

atg tcc ctt gct ggt ctt gtt ttg gca cca ttt aca gca ggg acg agt 609

Met Ser Leu Ala Gly Leu Val Leu Ala Pro Phe Thr Ala Gly Thr Ser

130 135 140 145

ctg gcc ctt act gca gct ggg gta ggg ctg gga gca gcg tct gct gtg 657

Leu Ala Leu Thr Ala Ala Gly Val Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ala Val

150 155 160

act ggg atc acc acc agc atc gtg gag cac tca tac aca tca tca gca 705

Thr Gly Ile Thr Thr Ser Ile Val Glu His Ser Tyr Thr Ser Ser Ala

165 170 175

gaa gct gaa gcc agc agg ctg act gca acc agc att gac cga ttg aag 753

Glu Ala Glu Ala Ser Arg Leu Thr Ala Thr Ser Ile Asp Arg Leu Lys

180 185 190

gta ttt aag gaa gtt atg cgt gac atc aca ccc aac tta ctt tcc ctt 801

Val Phe Lys Glu Val Met Arg Asp Ile Thr Pro Asn Leu Leu Ser Leu

195 200 205

ctt aat aat tat tac gaa gcc aca caa acc att ggg agt gaa atc cgt 849

Leu Asn Asn Tyr Tyr Glu Ala Thr Gln Thr Ile Gly Ser Glu Ile Arg

210 215 220 225

gcc atc agg caa gcc aga gcc agg gcc cga ctc cct gtg acc acc tgg 897

Ala Ile Arg Gln Ala Arg Ala Arg Ala Arg Leu Pro Val Thr Thr Trp

230 235 240

cga atc tca gct gga agt ggt ggt caa gca gag aga acg att gca ggc 945

Arg Ile Ser Ala Gly Ser Gly Gly Gln Ala Glu Arg Thr Ile Ala Gly

245

250

255

acc acc cgg gca gtg agc aga gga gcc cgg atc ctg agt gcg acc act 993

Thr Thr Arg Ala Val Ser Arg Gly Ala Arg Ile Leu Ser Ala Thr Thr

260

265

270

tca ggc atc ttc ctt gca ctg gat gtg gtc aac ctt gta tac gag tca 1041

Ser Gly Ile Phe Leu Ala Leu Asp Val Val Asn Leu Val Tyr Glu Ser

275

280

285

aag cac ttg cat gag ggg gca aag tct gca tct gct gag gag ctg agg 1089

Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Ala Ser Ala Glu Glu Leu Arg

290

295

300

305

cgg cag gct cag gag ctg gag gag aat cta atg gag ctc act cag atc 1137

Arg Gln Ala Gln Glu Leu Glu Glu Asn Leu Met Glu Leu Thr Gln Ile

310

315

320

tat cag cgt ctg aat cca tgc cat acc cac tgacccaga ccagtgcagc 1187

Tyr Gln Arg Leu Asn Pro Cys His Thr His

325

330

cagcagggga ggtgagccat acacaggcca cgacaaaatg caggcatttt attaggggga 1247

taaagagggc aaggtaaagt ttatggagct gagggttagt gactttggca tttctgtagc 1307

tgagcacagc aggggagggg ttaatgcaga tggcaagtgc accaaggaga aggcaggaat 1367

gctggagcct ggaataaggg aggagagggg actggagagt gtggggaata ggaagaagaa 1427

atttccttta gactaacgaa tatattgggg ggaggaatag aggggaggtg tgcaggaacc 1487

agcaatgaga aggccaggaa aagaaagagc tgaaaatgca gaaagccgaa gagttagaac 1547

ttttggatac agcagaagaa acagcggctc cactaccgac ctgccccggg ttgatgtcc 1607

ttccaagaat gaagtctttc cctggtgatg gtcccctgcc ctgtctttcc agcatccact 1667

ctgtcttgtc ctcttggaag tgtatctcag tcagccagtg gcttcttgat gatggcgggtg 1727

gaggtggtgg ttgtagtgtg atggatcccc tttagggttat ttaggggtat atgtcccctg 1787

cttgaaccct gaaggccagg taatgagcca tggccattgt cccagctga ggaccaggtg 1847

tctctaaaaa cccaaacatc ctggagagta tgcgagaacc taccaagaaa aacagtctca 1907

ttactcatat acagcaggca aagagacaga aaattaactg aaaagcagtt tagagactgg 1967

gggaggccgg atctctagag ccaccttgct gagtgccctg tgtgtaagtc ctaataaact 2027

cacctactca cc

2039

<210> 95

<211> 407

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 95

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1 5 10 15

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20 25 30

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35 40 45

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50 55 60

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65 70 75 80

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly

85 90 95

His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu

100 105 110

Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe

115 120 125

Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser

130 135 140



Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg  
145 150 155 160

Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr  
165 170 175

Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr  
180 185 190

Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys  
195 200 205

Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr  
210 215 220

Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys  
225 230 235 240

Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg  
245 250 255

Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu  
260 265 270

Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp  
275 280 285

Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly  
290 295 300

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu  
305 310 315 320

Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu  
325 330 335

Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser  
340 345 350

Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser  
355 360 365

Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu  
370 375 380

Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe  
385 390 395 400

Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu  
405

<210> 96

<211> 1409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (181)..(1401)

<400> 96

gctgtgcttg gcgcgtaccg tgcggtcctt gtagttggag gacgggcggt cgcgcgccct 60

ttcccactag ccggagtagc ctctagttcg ttagtcaaaa cgtgaaaaaa aaagacctgc 120

tttgccttgg gaaatagtaa ccctgccaaa tacatcagct tgtaggagac agaggatgtg 180

atg gag ctg ctt gaa gaa gat ctc aca tgc cct att tgt tgt agt ctg 228

Met Glu Leu Leu Glu Glu Asp Leu Thr Cys Pro Ile Cys Cys Ser Leu

1 5 10 15

ttt gat gat cca cgg gtt ttg cct tgc tcc cac aac ttc tgc aaa aaa 276

Phe Asp Asp Pro Arg Val Leu Pro Cys Ser His Asn Phe Cys Lys Lys

20 25 30

tgc tta gaa ggt atc tta gaa ggg agt gtg cgg aat tcc ttg tgg aga 324

Cys Leu Glu Gly Ile Leu Glu Gly Ser Val Arg Asn Ser Leu Trp Arg

35 40 45

cca gct cca ttc aag tgt cct aca tgc cgt aag gaa act tca gct act 372

Pro Ala Pro Phe Lys Cys Pro Thr Cys Arg Lys Glu Thr Ser Ala Thr

50 55 60

gga att aat agc ctg cag gtt aat tac tcc ctg aag ggt att gtg gaa 420

Gly Ile Asn Ser Leu Gln Val Asn Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Val Glu

65 70 75 80

aag tat aac aag atc aag atc tct ccc aaa atg cca gta tgc aaa gga 468

Lys Tyr Asn Lys Ile Lys Ile Ser Pro Lys Met Pro Val Cys Lys Gly

85

90

95

cac ttg ggg cag cct ctc aac att ttc tgc ctg act gat atg cag ctg 516

His Leu Gly Gln Pro Leu Asn Ile Phe Cys Leu Thr Asp Met Gln Leu

100

105

110

att tgt ggg atc tgt gct act cgt ggg gag cac acc aaa cat gtc ttc 564

Ile Cys Gly Ile Cys Ala Thr Arg Gly Glu His Thr Lys His Val Phe

115

120

125

tgt tct att gaa gat gcc tat gct cag gaa agg gat gcc ttt gag tcc 612

Cys Ser Ile Glu Asp Ala Tyr Ala Gln Glu Arg Asp Ala Phe Glu Ser

130

135

140

ctc ttc cag agc ttt gag acc tgg cgt cgg gga gat gct ctt tct cgc 660

Leu Phe Gln Ser Phe Glu Thr Trp Arg Arg Gly Asp Ala Leu Ser Arg

145

150

155

160

ttg gat acc ttg gaa act agt aag agg aaa tcc cta cag tta ctg act 708

Leu Asp Thr Leu Glu Thr Ser Lys Arg Lys Ser Leu Gln Leu Leu Thr

165

170

175

aaa gat tca gat aaa gtg aag gaa ttt ttt gag aag tta caa cac aca 756

Lys Asp Ser Asp Lys Val Lys Glu Phe Phe Glu Lys Leu Gln His Thr

180

185

190

ctg gat caa aag aag aat gaa att ctg tct gac ttt gag acc atg aaa 804  
Leu Asp Gln Lys Lys Asn Glu Ile Leu Ser Asp Phe Glu Thr Met Lys

195

200

205

ctt gct gtt atg caa gca tat gac cca gag atc aac aaa ctc aac acc 852  
Leu Ala Val Met Gln Ala Tyr Asp Pro Glu Ile Asn Lys Leu Asn Thr

210

215

220

atc ttg cag gag caa cgg atg gcc ttt aac att gct gag gct ttc aaa 900  
Ile Leu Gln Glu Gln Arg Met Ala Phe Asn Ile Ala Glu Ala Phe Lys

225

230

235

240

gat gtg tca gaa ccc att gta ttt ctg caa cag atg cag gag ttt aga 948  
Asp Val Ser Glu Pro Ile Val Phe Leu Gln Gln Met Gln Glu Phe Arg

245

250

255

gag aaa atc aaa gta atc aag gaa act cct tta cct ccc tct aat ttg 996  
Glu Lys Ile Lys Val Ile Lys Glu Thr Pro Leu Pro Pro Ser Asn Leu

260

265

270

cct gca agc cct tta atg aag aac ttt gat acc agt cag tgg gaa gac 1044  
Pro Ala Ser Pro Leu Met Lys Asn Phe Asp Thr Ser Gln Trp Glu Asp

275

280

285

ata aaa cta gtc gat gtg gat aaa ctt tct ttg cct caa gac act ggc 1092  
Ile Lys Leu Val Asp Val Asp Lys Leu Ser Leu Pro Gln Asp Thr Gly

290

295

300

aca ttc att agc aag att ccc tgg agc ttt tat aag tta ttt ttg cta 1140

Thr Phe Ile Ser Lys Ile Pro Trp Ser Phe Tyr Lys Leu Phe Leu Leu  
305 310 315 320

atc ctt ctg ctt ggc ctt gtc att gtc ttt ggt cct acc atg ttc cta 1188  
Ile Leu Leu Leu Gly Leu Val Ile Val Phe Gly Pro Thr Met Phe Leu  
325 330 335

gaa tgg tca tta ttt gat gac ctg gca act tgg aaa ggc tgt ctt tca 1236  
Glu Trp Ser Leu Phe Asp Asp Leu Ala Thr Trp Lys Gly Cys Leu Ser  
340 345 350

aac ttc agt tcc tat ctg act aaa aca gcc gat ttc ata gaa caa tca 1284  
Asn Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Lys Thr Ala Asp Phe Ile Glu Gln Ser  
355 360 365

gtt ttt tac tgg gaa cag gtg aca gat ggg ttt ttc att ttc aat gaa 1332  
Val Phe Tyr Trp Glu Gln Val Thr Asp Gly Phe Phe Ile Phe Asn Glu  
370 375 380

aga ttc aag aat ttt act ttg gtg gta ctg aac aat gtg gca gaa ttt 1380  
Arg Phe Lys Asn Phe Thr Leu Val Val Leu Asn Asn Val Ala Glu Phe  
385 390 395 400

gtg tgc aaa tat aaa cta tta taaaatcg 1409  
Val Cys Lys Tyr Lys Leu Leu  
405

<211> 465

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 97

Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys

1 5 10 15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly

20 25 30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser

35 40 45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50 55 60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu

65 70 75 80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His

85 90 95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys

100 105 110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu

115 120 125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val  
130 135 140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser  
145 150 155 160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg  
165 170 175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu  
180 185 190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr  
195 200 205

Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn  
210 215 220

Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser  
225 230 235 240

Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp  
245 250 255

Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr  
260 265 270

Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg  
275 280 285



Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu  
290 295 300

Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln  
305 310 315 320

Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val  
325 330 335

Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp  
340 345 350

Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val  
355 360 365

Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr  
370 375 380

Leu Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro  
385 390 395 400

Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu  
405 410 415

Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys  
420 425 430

His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro

435

440

445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly

450

455

460

Asp

465

<210> 98

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 98

gttaacttcc tgaccagga agtggcagca acagagggga ctagcagca atatacttta 60

caccaaactc cagaagattc agaacttaga tgagtggggc ccaggacagg aaccctggag 120

ccttgaagg aggggagccc catctccca gaagagcagt gacccagca gagaggggcc 180

tggtgtatca ctggaggaaa tagcctgcca aggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240

gtggcttcaa gagactgac aaattgtgag aggaaaacag cctaccggt cctcttttct 300

tcaatacaaa atgagataat aggggttgga aggaaaacct tcaagaccta tggaagtcag 360

ttgcagccag ctcatcacat agaggtgcag gtgaggtgta tttcatcac ggtggaaaat 420

tctggctgct tcattccat ctctagagcc aatattggag cttttcaata aaagct atg 479

Met

1

gcc tca acc acc agc acc aag aag atg atg gag gaa gcc acc tgc tcc 527

Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys Ser

5

10

15

atc tgc ctg agc ctg atg acg aac cca gta agc atc aac tgt gga cac 575

Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly His

20

25

30

agc tac tgc cac ttg tgt ata aca gac ttc ttt aaa aac cca agc caa 623

Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser Gln

35

40

45

aag caa ctg agg cag gag aca ttc tgc tgt ccc cag tgt cgg gct cca 671

Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala Pro

50

55

60

65

ttt cat atg gat agc ctc cga ccc aac aag cag ctg gga agc ctc att 719

Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu Ile

70

75

80

gaa gcc ctc aaa gag acg gat caa gaa atg tca tgt gag gaa cac gga 767

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly  
85 90 95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815  
Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp  
100 105 110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863  
Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val  
115 120 125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag gaa gct gtg aca 911  
Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Glu Ala Val Thr  
130 135 140 145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959  
Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr  
150 155 160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007  
Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln  
165 170 175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055  
Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu  
180 185 190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103  
Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu

195

200

205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151

Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu

210

215

220

225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199

Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala

230

235

240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247

Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala

245

250

255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295

Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met

260

265

270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343

Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser

275

280

285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391

His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu

290

295

300

305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439

Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu

310

315

320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggc tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

370

375

380

385

agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679

Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr

390

395

400

tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727

Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp

405

410

415

tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775

Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His

420

425

430

atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823  
Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr

435

440

445

ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871  
Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp

450

455

460

465

taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931

taagggcag

1940

<210> 99

<211> 465

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 99

Met Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys

1

5

10

15

Ser Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly

20

25

30

His Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser

35

40

45

Gln Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala

50

55

60

Pro Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu

65

70

75

80

Ile Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His

85

90

95

Gly Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys

100

105

110

Trp Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu

115

120

125

Val Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val

130

135

140

Thr Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser

145

150

155

160

Thr Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg

165

170

175

Gln Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu

180

185

190

Glu Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr

195

200

205



Leu Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn  
210 215 220

Glu Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser  
225 230 235 240

Ala Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp  
245 250 255

Ala Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr  
260 265 270

Met Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg  
275 280 285

Ser His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu  
290 295 300

Leu Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln  
305 310 315 320

Glu Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val  
325 330 335

Leu Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp  
340 345 350

Val Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val  
355 360 365

Gln Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr  
370 375 380

Leu Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro  
385 390 395 400

Thr Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu  
405 410 415

Asp Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys  
420 425 430

His Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro  
435 440 445

Tyr Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly  
450 455 460

Asp  
465

<210> 100

<211> 1940

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (477)..(1871)

<400> 100

gttaacttcc tgacccagga agtggcagca acagagggga ctagcagcga atatacttta 60  
 caccaaattct cagaagattc agaacttaga tgagtggggc ccaggacagg aaccctggag 120  
 ccttggaagg aggggagccc catctcccca gaagagcagt gaccccagca gagagggggc 180  
 tgggtgatca ctggaggaaa tagcctgcc aaggaatacac gtcttcagaa gaagttctgt 240  
 gtggcttcaa gagactgac aaattgtgag aggaaaacag cctaccgggt cctcttttct 300  
 tcaatacaaa atgagataat aggggttgga aggaaaacct tcaagaccta tggaagtcag 360  
 ttgcagccag ctcatcacat agaggtgcag gtgaggtgta tttcatcac ggtggaaaat 420  
 tctggctgct tcattccat ctctagagcc aatattggag cttttcaata aaagct atg 479

Met

1

gcc tca acc acc agc acc aag aag atg atg gag gaa gcc acc tgc tcc 527

Ala Ser Thr Thr Ser Thr Lys Lys Met Met Glu Glu Ala Thr Cys Ser

5

10

15

atc tgc ctg agc ctg atg acg aac cca gta agc atc aac tgt gga cac 575

Ile Cys Leu Ser Leu Met Thr Asn Pro Val Ser Ile Asn Cys Gly His

20

25

30

agc tac tgc cac ttg tgt ata aca gac ttc ttt aaa aac cca agc caa 623

Ser Tyr Cys His Leu Cys Ile Thr Asp Phe Phe Lys Asn Pro Ser Gln

35

40

45

aag caa ctg agg cag gag aca ttc tgc tgt ccc cag tgt cgg gct cca 671

Lys Gln Leu Arg Gln Glu Thr Phe Cys Cys Pro Gln Cys Arg Ala Pro

50

55

60

65

ttt cat atg gat agc ctc cga ccc aac aag cag ctg gga agc ctc att 719

Phe His Met Asp Ser Leu Arg Pro Asn Lys Gln Leu Gly Ser Leu Ile

70

75

80

gaa gcc ctc aaa gag acg gat caa gaa atg tca tgt gag gaa cac gga 767

Glu Ala Leu Lys Glu Thr Asp Gln Glu Met Ser Cys Glu Glu His Gly

85

90

95

gag cag ttc cac ctg ttc tgc gaa gac gag ggg cag ctc atc tgc tgg 815

Glu Gln Phe His Leu Phe Cys Glu Asp Glu Gly Gln Leu Ile Cys Trp

100

105

110

cgc tgt gag cgg gca cca cag cac aaa ggg cac acc aca gct ctt gtt 863

Arg Cys Glu Arg Ala Pro Gln His Lys Gly His Thr Thr Ala Leu Val

115

120

125

gaa gac gta tgc cag ggc tac aag gaa aag ctc cag aaa gct gtg aca 911

Glu Asp Val Cys Gln Gly Tyr Lys Glu Lys Leu Gln Lys Ala Val Thr

130

135

140

145

aaa ctg aag caa ctt gaa gac aga tgt acg gag cag aag ctg tcc aca 959

Lys Leu Lys Gln Leu Glu Asp Arg Cys Thr Glu Gln Lys Leu Ser Thr

150

155

160

gca atg cga ata act aaa tgg aaa gag aag gta cag att cag aga caa 1007

Ala Met Arg Ile Thr Lys Trp Lys Glu Lys Val Gln Ile Gln Arg Gln

165

170

175

aaa atc cgg tct gac ttt aag aat ctc cag tgt ttc cta cat gag gaa 1055

Lys Ile Arg Ser Asp Phe Lys Asn Leu Gln Cys Phe Leu His Glu Glu

180

185

190

gag aag tct tat ctc tgg agg ctg gag aaa gaa gaa caa cag act ctg 1103

Glu Lys Ser Tyr Leu Trp Arg Leu Glu Lys Glu Glu Gln Gln Thr Leu

195

200

205

agt aga ctg agg gac tat gag gct ggt ctg ggg ctg aag agc aat gaa 1151

Ser Arg Leu Arg Asp Tyr Glu Ala Gly Leu Gly Leu Lys Ser Asn Glu

210

215

220

225

ctc aag agc cac atc ctg gaa ctg gag gaa aaa tgt cag ggc tca gcc 1199

Leu Lys Ser His Ile Leu Glu Leu Glu Glu Lys Cys Gln Gly Ser Ala

230

235

240

cag aaa ttg ctg cag aat gtg aat gac act ttg agc agg agt tgg gct 1247

Gln Lys Leu Leu Gln Asn Val Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Trp Ala

245

250

255

gtg aag ctg gaa aca tca gag gct gtc tcc ttg gaa ctt cat act atg 1295

Val Lys Leu Glu Thr Ser Glu Ala Val Ser Leu Glu Leu His Thr Met

260

265

270

tgc aat gtt tcc aag ctt tac ttc gat gtg aag aaa atg tta agg agt 1343

Cys Asn Val Ser Lys Leu Tyr Phe Asp Val Lys Lys Met Leu Arg Ser

275

280

285

cat caa gtt agt gtg act ctg gat cca gat aca gct cat cac gaa cta 1391

His Gln Val Ser Val Thr Leu Asp Pro Asp Thr Ala His His Glu Leu

290

295

300

305

att ctc tct gag gat cgg aga caa gtg act cgt gga tac acc cag gag 1439

Ile Leu Ser Glu Asp Arg Arg Gln Val Thr Arg Gly Tyr Thr Gln Glu

310

315

320

aat cag gac aca tct tcc agg aga ttt act gcc ttc ccc tgt gtc ttg 1487

Asn Gln Asp Thr Ser Ser Arg Arg Phe Thr Ala Phe Pro Cys Val Leu

325

330

335

ggt tgt gaa ggc ttc acc tca gga aga cgt tac ttt gaa gtg gat gtt 1535

Gly Cys Glu Gly Phe Thr Ser Gly Arg Arg Tyr Phe Glu Val Asp Val

340

345

350

ggc gaa gga acc gga tgg gat tta gga gtt tgt atg gaa aat gtg cag 1583

Gly Glu Gly Thr Gly Trp Asp Leu Gly Val Cys Met Glu Asn Val Gln

355

360

365

agg ggc act ggc atg aag caa gag cct cag tct gga ttc tgg acc ctc 1631

Arg Gly Thr Gly Met Lys Gln Glu Pro Gln Ser Gly Phe Trp Thr Leu

|  |      |     |     |
|--|------|-----|-----|
| 370  | 375  | 380 | 385 |
| agg ctg tgc aaa aag aaa ggc tat gta gca ctt act tct ccc cca act 1679   |      |     |     |
| Arg Leu Cys Lys Lys Lys Gly Tyr Val Ala Leu Thr Ser Pro Pro Thr        |      |     |     |
|  | 390, | 395 | 400 |
| tcc ctt cat ctg cat gag cag ccc ctg ctt gtg gga att ttt ctg gac 1727   |      |     |     |
| Ser Leu His Leu His Glu Gln Pro Leu Leu Val Gly Ile Phe Leu Asp        |      |     |     |
|  | 405  | 410 | 415 |
| tat gag gcc gga gtt gta tcc ttt tat aac ggg aat act ggc tgc cac 1775   |      |     |     |
| Tyr Glu Ala Gly Val Val Ser Phe Tyr Asn Gly Asn Thr Gly Cys His        |      |     |     |
|  | 420  | 425 | 430 |
| atc ttt act ttc ccg aag gct tcc ttc tct gat act ctc cgg ccc tat 1823   |      |     |     |
| Ile Phe Thr Phe Pro Lys Ala Ser Phe Ser Asp Thr Leu Arg Pro Tyr        |      |     |     |
|  | 435  | 440 | 445 |
| ttc cag gtt tat caa tat tct cct ttg ttt ctg cct ccc cca ggt gac 1871   |      |     |     |
| Phe Gln Val Tyr Gln Tyr Ser Pro Leu Phe Leu Pro Pro Pro Gly Asp        |      |     |     |
|  | 450  | 455 | 460 |
|  |      |     | 465 |
| taaggaaaag agcagaagct ccttggttta accagcacag agaaaataat ataaatccca 1931 |      |     |     |
| taagggcag 1940   |      |     |     |

<210> 101

<211> 685

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 101

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser Thr Lys  
1 5 10 15

Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser Lys Lys  
20 25 30

Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln Ser Gln  
35 40 45

Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His His Ser His  
50 55 60

Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr Gly Lys  
65 70 75 80

Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Gly Phe Ala Lys Cys  
85 90 95

Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala Lys Ile  
100 105 110

Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys Ile Asp  
115 120 125

Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val Val Gln



130

135

140

Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu Leu Glu

145

150

155

160

Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg Lys Val

165

170

175

Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val Ser Gly

180

185

190

Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu Lys Leu

195

200

205

Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly Asp Phe

210

215

220

Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg Thr Ile

225

230

235

240

Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys Gln Gly

245

250

255

His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met Tyr Thr

260

265

270

Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys Glu Thr

275

280

285

Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser Leu Leu  
290 295 300

Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn Pro Glu  
305 310 315 320

Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe Leu Gln  
325 330 335

Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Ser Cys Cys His Thr Val Pro  
340 345 350

Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys Ala Ala  
355 360 365

Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile Asp Thr  
370 375 380

His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu Arg His  
385 390 395 400

Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His Arg Thr  
405 410 415

Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Thr Val Ala Arg Ser Gly Thr  
420 425 430

Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg Met Ile  
435 440 445

Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Ser Glu Cys Leu Glu  
450 455 460

Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val Leu Arg  
465 470 475 480

Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys Glu Gln  
485 490 495

Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr Ser Asn  
500 505 510

Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly Val Leu  
515 520 525

Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys Thr Val  
530 535 540

His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala Thr Asp  
545 550 555 560

Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr Phe Ser  
565 570 575

His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro Ser Val  
580 585 590

Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu Lys Ser

595

600

605

Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln Val Asn

610

615

620

Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn Glu Glu

625

630

635

640

Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr Phe Arg

645

650

655

Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys Asn Arg

660

665

670

Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn

675

680

685

<210> 102

<211> 2783

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (128)..(2182)

<400> 102

gcacaagtgg accggggtgt tgggtgctag tcggcaccag aggcaagggt gcgaggacca 60

cggccggctc ggacgtgtga ccgcgcctag ggggtggcag cgggcagtcg ggggcggcaa 120

ggcgacc atg gag ctt ttg cgg act atc acc tac cag cca gcc gcc agc 169

Met Glu Leu Leu Arg Thr Ile Thr Tyr Gln Pro Ala Ala Ser

1 5 10

acc aaa atg tgc gag cag gcg ctg ggc aag ggt tgc gga gca gac tcg 217

Thr Lys Met Cys Glu Gln Ala Leu Gly Lys Gly Cys Gly Ala Asp Ser

15 20 25 30

aag aag aag cgg ccg ccg cag ccc ccc gag gaa tcg cag cca cct cag 265

Lys Lys Lys Arg Pro Pro Gln Pro Pro Glu Glu Ser Gln Pro Pro Gln

35 40 45

tcc cag gcg caa gtg ccc ccg gcg gcc cct cac cac cat cac cac cat 313

Ser Gln Ala Gln Val Pro Pro Ala Ala Pro His His His His His His

50 55 60

tcg cac tcg ggg ccg gag atc tcg cgg att atc gtc gac ccc acg act 361

Ser His Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Ile Ile Val Asp Pro Thr Thr

65 70 75

ggg aag cgc tac tgc cgg ggc aaa gtg ctg gga aag ggt ggc ttt gca 409

Gly Lys Arg Tyr Cys Arg Gly Lys Val Leu Gly Lys Gly Gly Phe Ala

80 85 90

aaa tgt tac gag atg aca gat ttg aca aat aac aaa gtc tac gcc gca 457

Lys Cys Tyr Glu Met Thr Asp Leu Thr Asn Asn Lys Val Tyr Ala Ala

|   |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|
| 95  | 100 | 105 | 110 |     |
| aaa att att cct cac agc aga gta gct aaa cct cat caa agg gaa aag |     |     |     | 505 |
| Lys Ile Ile Pro His Ser Arg Val Ala Lys Pro His Gln Arg Glu Lys |     |     |     |     |
|   | 115 | 120 | 125 |     |
| att gac aaa gaa ata gag ctt cac aga att ctt cat cat aag cat gta |     |     |     | 553 |
| Ile Asp Lys Glu Ile Glu Leu His Arg Ile Leu His His Lys His Val |     |     |     |     |
|   | 130 | 135 | 140 |     |
| gtg cag ttt tac cac tac ttc gag gac aaa gaa aac att tac att ctc |     |     |     | 601 |
| Val Gln Phe Tyr His Tyr Phe Glu Asp Lys Glu Asn Ile Tyr Ile Leu |     |     |     |     |
|   | 145 | 150 | 155 |     |
| ttg gaa tac tgc agt aga agg tca atg gct cat att ttg aaa gca aga |     |     |     | 649 |
| Leu Glu Tyr Cys Ser Arg Arg Ser Met Ala His Ile Leu Lys Ala Arg |     |     |     |     |
|   | 160 | 165 | 170 |     |
| aag gtg ttg aca gag cca gaa gtt cga tac tac ctc agg cag att gtg |     |     |     | 697 |
| Lys Val Leu Thr Glu Pro Glu Val Arg Tyr Tyr Leu Arg Gln Ile Val |     |     |     |     |
| 175   | 180 | 185 | 190 |     |
| tct gga ctg aaa tac ctt cat gaa caa gaa atc ttg cac aga gat ctc |     |     |     | 745 |
| Ser Gly Leu Lys Tyr Leu His Glu Gln Glu Ile Leu His Arg Asp Leu |     |     |     |     |
|   | 195 | 200 | 205 |     |
| aaa cta ggg aac ttt ttt att aat gaa gcc atg gaa cta aaa gtt ggg |     |     |     | 793 |
| Lys Leu Gly Asn Phe Phe Ile Asn Glu Ala Met Glu Leu Lys Val Gly |     |     |     |     |
|   | 210 | 215 | 220 |     |

gac ttc ggt ctg gca gcc agg cta gaa ccc ttg gaa cac aga agg aga 841

Asp Phe Gly Leu Ala Ala Arg Leu Glu Pro Leu Glu His Arg Arg Arg

225

230

235

acg ata tgt ggt acc cca aat tat ctc tct cct gaa gtc ctc aac aaa 889

Thr Ile Cys Gly Thr Pro Asn Tyr Leu Ser Pro Glu Val Leu Asn Lys

240

245

250

caa gga cat ggc tgt gaa tca gac att tgg gcc ctg ggc tgt gta atg 937

Gln Gly His Gly Cys Glu Ser Asp Ile Trp Ala Leu Gly Cys Val Met

255

260

265

270

tat aca atg tta cta ggg agg ccc cca ttt gaa act aca aat ctc aaa 985

Tyr Thr Met Leu Leu Gly Arg Pro Pro Phe Glu Thr Thr Asn Leu Lys

275

280

285

gaa act tat agg tgc ata agg gaa gca agg tat aca atg ccg tcc tca 1033

Glu Thr Tyr Arg Cys Ile Arg Glu Ala Arg Tyr Thr Met Pro Ser Ser

290

295

300

ttg ctg gct cct gcc aag cac tta att gct agt atg ttg tcc aaa aac 1081

Leu Leu Ala Pro Ala Lys His Leu Ile Ala Ser Met Leu Ser Lys Asn

305

310

315

cca gag gat cgt ccc agt ttg gat gac atc att cga cat gac ttt ttt 1129

Pro Glu Asp Arg Pro Ser Leu Asp Asp Ile Ile Arg His Asp Phe Phe

320

325

330

ttg cag ggc ttc act ccg gac aga ctg tct tct agc tgt tgt cat aca 1177  
 Leu Gln Gly Phe Thr Pro Asp Arg Leu Ser Ser Ser Cys Cys His Thr  
 335 340 345 350

gtt cca gat ttc cac tta tca agc cca gct aag aat ttc ttt aag aaa 1225  
 Val Pro Asp Phe His Leu Ser Ser Pro Ala Lys Asn Phe Phe Lys Lys  
 355 360 365

gca gct gct gct ctt ttt ggt ggc aaa aaa gac aaa gca aga tat att 1273  
 Ala Ala Ala Ala Leu Phe Gly Gly Lys Lys Asp Lys Ala Arg Tyr Ile  
 370 375 380

gac aca cat aat aga gtg tct aaa gaa gat gaa gac atc tac aag ctt 1321  
 Asp Thr His Asn Arg Val Ser Lys Glu Asp Glu Asp Ile Tyr Lys Leu  
 385 390 395

agg cat gat ttg aaa aag act tca ata act cag caa ccc agc aaa cac 1369  
 Arg His Asp Leu Lys Lys Thr Ser Ile Thr Gln Gln Pro Ser Lys His  
 400 405 410

agg aca gat gag gag ctc cag cca cct acc acc aca gtt gcc agg tct 1417  
 Arg Thr Asp Glu Glu Leu Gln Pro Pro Thr Thr Thr Val Ala Arg Ser  
 415 420 425 430

gga aca ccc gca gta gaa aac aag cag cag att ggg gat gct att cgg 1465  
 Gly Thr Pro Ala Val Glu Asn Lys Gln Gln Ile Gly Asp Ala Ile Arg  
 435 440 445

atg ata gtc aga ggg act ctt ggc agc tgt agc agc agc agt gaa tgc 1513



Met Ile Val Arg Gly Thr Leu Gly Ser Cys Ser Ser Ser Ser Glu Cys  
 450 455 460

ctt gaa gac agt acc atg gga agt gtt gca gac aca gtg gca agg gtt 1561  
 Leu Glu Asp Ser Thr Met Gly Ser Val Ala Asp Thr Val Ala Arg Val  
 465 470 475

ctt cgg gga tgt ctg gaa aac atg ccg gaa gct gat tgc att ccc aaa 1609  
 Leu Arg Gly Cys Leu Glu Asn Met Pro Glu Ala Asp Cys Ile Pro Lys  
 480 485 490

gag cag ctg agc aca tca ttt cag tgg gtc acc aaa tgg gtt gat tac 1657  
 Glu Gln Leu Ser Thr Ser Phe Gln Trp Val Thr Lys Trp Val Asp Tyr  
 495 500 505 510

tct aac aaa tat ggc ttt ggg tac cag ctc tca gac cac acc gtc ggt 1705  
 Ser Asn Lys Tyr Gly Phe Gly Tyr Gln Leu Ser Asp His Thr Val Gly  
 515 520 525

gtc ctt ttc aac aat ggt gct cac atg agc ctc ctt cca gac aaa aaa 1753  
 Val Leu Phe Asn Asn Gly Ala His Met Ser Leu Leu Pro Asp Lys Lys  
 530 535 540

aca gtt cac tat tac gca gag ctt ggc caa tgc tca gtt ttc cca gca 1801  
 Thr Val His Tyr Tyr Ala Glu Leu Gly Gln Cys Ser Val Phe Pro Ala  
 545 550 555

aca gat gct cct gag caa ttt att agt caa gtg acg gtg ctg aaa tac 1849  
 Thr Asp Ala Pro Glu Gln Phe Ile Ser Gln Val Thr Val Leu Lys Tyr

|   |      |     |     |
|---|------|-----|-----|
| 560   | 565  | 570 |     |
| ttt tct cat tac atg gag gag aac ctc atg gat ggt gga gat ctg cct | 1897 |     |     |
| Phe Ser His Tyr Met Glu Glu Asn Leu Met Asp Gly Gly Asp Leu Pro |      |     |     |
| 575   | 580  | 585 | 590 |
| agt gtt act gat att cga aga cct cgg ctc tac ctc ctt cag tgg cta | 1945 |     |     |
| Ser Val Thr Asp Ile Arg Arg Pro Arg Leu Tyr Leu Leu Gln Trp Leu |      |     |     |
|   | 595  | 600 | 605 |
| aaa tct gat aag gcc cta atg atg ctc ttt aat gat ggc acc ttt cag | 1993 |     |     |
| Lys Ser Asp Lys Ala Leu Met Met Leu Phe Asn Asp Gly Thr Phe Gln |      |     |     |
|   | 610  | 615 | 620 |
| gtg aat ttc tac cat gat cat aca aaa atc atc atc tgt agc caa aat | 2041 |     |     |
| Val Asn Phe Tyr His Asp His Thr Lys Ile Ile Ile Cys Ser Gln Asn |      |     |     |
|   | 625  | 630 | 635 |
| gaa gaa tac ctt ctc acc tac atc aat gag gat agg ata tct aca act | 2089 |     |     |
| Glu Glu Tyr Leu Leu Thr Tyr Ile Asn Glu Asp Arg Ile Ser Thr Thr |      |     |     |
|   | 640  | 645 | 650 |
| ttc agg ctg aca act ctg ctg atg tct ggc tgt tca tca gaa tta aaa | 2137 |     |     |
| Phe Arg Leu Thr Thr Leu Leu Met Ser Gly Cys Ser Ser Glu Leu Lys |      |     |     |
| 655   | 660  | 665 | 670 |
| aat cga atg gaa tat gcc ctg aac atg ctc tta caa aga tgt aac     | 2182 |     |     |
| Asn Arg Met Glu Tyr Ala Leu Asn Met Leu Leu Gln Arg Cys Asn     |      |     |     |
|   | 675  | 680 | 685 |

tgaaagactt ttcgaatgga ccctatggga ctctctttt ccactgtgag atctacaggg 2242

aaccctaaaag aatgatctag agtatgttga agaagatgga catgtggtgg tacgaaaaca 2302

attccctgtt ggctgtctgg actgggtgga accagaacag gctaaggcat acagttcttg 2362

actttggaca atccaagagt gaaccagaat gcagttttcc ttgagatacc tgttttaaaa 2422

ggtttttcag acaattttgc agaaaggtgc attgattctt aaattctctc tgttgagagc 2482

atttcagcca gaggactttg gaactgtgaa tatacttcct gaaggggagg gagaagggag 2542

gaagctccca tgttgtttaa aggctgtaat tggagcagct tttggctgcg taactgtgaa 2602

ctatggccat atataatttt ttttcattaa tttttgaaga tacttgtggc tggaaaagtg 2662

cattccttgt taataaactt tttatttatt acagcccaaa gagcagtatt tattatcaaa 2722

atgtcttttt ttttatgttg accattttta accgttggca ataaagagta tgaaaacgca 2782

g 2783

<210> 103

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 103

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1 5 10 15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20 25 30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35 40 45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50 55 60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr

65 70 75 80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met Cys Cys

85 90 95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100 105 110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115 120 125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130 135 140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145

150

155

160

Leu

<210> 104

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

<400> 104

ccttttctcg gggcgcccga aggccagctc agacctcccg gctcgacagg cggcgcgggc 60

ggcggtaaa atg tcg gtt cca gga cct tac cag gcg gcc act ggg cct tcc 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

tca gca cca tcc gca cct cca tcc tat gaa gag aca gtg gct gtt aac 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

agt tat tac ccc aca cct cca gct ccc atg cct ggg cca act acg ggg 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255

Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr

50

55

60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303

Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr

65

70

75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct atc caa atg 351

Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Ile Gln Met

80

85

90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399

Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn

95

100

105

110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447

Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly

115

120

125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495

Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln

130

135

140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543

Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr

145

150

155

aag cgt ttg taggactcag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592

Lys Arg Leu

160

aagtcctttc cacctctcat ccagcttcac gcctgggtgga ggttctgccc tgggtgtctc 652

acctctccag ggggcccacc ttcatgtctt cttttggggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aaatctccaa accccagaaa ttgctgcttg gagtcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

cccttgagtg tcagttccac ggtttcctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctcttttttc 892

ctgcttccat gggcctttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccttattt 952

ttgaggctgt tctgcccaga gctcggctga accagccttt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctcttc ccgtccctga tgacaaagat ctigccttac agactttaca ggcttggctt 1072

tgagattctg taactgcaga cticattagc acacagattc actttaattt ctttaattttt 1132

tttttaaata caaggagggg gctattaaca ccagtacag acatatccac aaggtcgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgccc tgtctcccct tgtttctctg 1252

tgccagatct tcagtgcccc ttccataca gggatttttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagttttt atgacctcct tttggtctga aatactttcg aacagaattt ctttttttta 1372

aaaaaaaaca gagatggggt cttactatgt tgcccaggct ggtgtcgaac tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaag tgctgggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tgggcctgaa cataatttca agaggaggat ttataaaacc attttctgta atcaaagtat 1552

tggtgtcatt ttcccatitg ccaatgtagt ctcactt 1589

<210> 105

<211> 161

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 105

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser Ser Ala

1 5 10 15

Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn Ser Tyr

20 25 30

Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly Leu Val

35 40 45

Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr Thr Gln

50 55 60

Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr Val Tyr



65

70

75

80

Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met Cys Cys

85

90

95

Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn Ala Gly

100

105

110

Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly Cys Ile

115

120

125

Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln Asp Val

130

135

140

Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr Lys Arg

145

150

155

160

Leu

<210> 106

<211> 1589

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(552)

&lt;400&gt; 106

ccttttctcg gggcgccccga aggccagctc agacctcccg gctcgacagg cggcgcgggc 60

ggcggtaaa atg tcg gtt cca gga cct tac cag gcg gcc act ggg cct tcc 111

Met Ser Val Pro Gly Pro Tyr Gln Ala Ala Thr Gly Pro Ser

1

5

10

tca gca cca tcc gca cct cca tcc tat gaa gag aca gtg gct gtt aac 159

Ser Ala Pro Ser Ala Pro Pro Ser Tyr Glu Glu Thr Val Ala Val Asn

15

20

25

30

agt tat tac ccc aca cct cca gct ccc atg cct ggg cca act acg ggg 207

Ser Tyr Tyr Pro Thr Pro Pro Ala Pro Met Pro Gly Pro Thr Thr Gly

35

40

45

ctt gtg acg ggg cct gat ggg aag ggc atg aat cct cct tcg tat tat 255

Leu Val Thr Gly Pro Asp Gly Lys Gly Met Asn Pro Pro Ser Tyr Tyr

50

55

60

acc cag cca gcg ccc atc ccc aat aac aat cca att acc gtg cag acg 303

Thr Gln Pro Ala Pro Ile Pro Asn Asn Asn Pro Ile Thr Val Gln Thr

65

70

75

gtc tac gtg cag cac ccc atc acc ttt ttg gac cgc cct gtc caa atg 351

Val Tyr Val Gln His Pro Ile Thr Phe Leu Asp Arg Pro Val Gln Met

80

85

90

tgt tgt cct tcc tgc aac aag atg atc gtg agt cag ctg tcc tat aac 399

Cys Cys Pro Ser Cys Asn Lys Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Tyr Asn  
 95 100 105 110

gcc ggt gct ctg acc tgg ctg tcc tgc ggg agc ctg tgc ctg ctg ggg 447  
 Ala Gly Ala Leu Thr Trp Leu Ser Cys Gly Ser Leu Cys Leu Leu Gly  
 115 120 125

tgc ata gcg ggc tgc tgc ttc atc ccc ttc tgc gtg gat gcc ctg cag 495  
 Cys Ile Ala Gly Cys Cys Phe Ile Pro Phe Cys Val Asp Ala Leu Gln  
 130 135 140

gac gtg gac cat tac tgt ccc aac tgc aga gct ctc ctg ggc acc tac 543  
 Asp Val Asp His Tyr Cys Pro Asn Cys Arg Ala Leu Leu Gly Thr Tyr  
 145 150 155

aag cgt ttg taggactcag ccagacgtgg agggagccgg gtgccgcagg 592  
 Lys Arg Leu  
 160

aagtcctttc cacctctcat ccagcttcac gcctggtgga ggttctgccc tgggtgtctc 652

acctctccag ggggcccacc ttcatgtctt cttttggggg gaatacgtcg caaaactaac 712

aaatctccaa accccagaaa ttgctgcttg gagtcgtgca taggacttgc aaagacattc 772

cccttgagtg tcagttccac ggtttcctgc ctccctgaga ccctgagtcc tgccatctaa 832

ctgtgatcat tgccctatcc gaatatcttc ctgtgatctg ccatcagtgg ctcttttttc 892

ctgcttccat gggcctttct ggtggcagtc tcaaactgag aagccacagt tgccttattt 952

ttgaggctgt tctgcccaga gctcggctga accagccttt agtgcctacc attatcttat 1012

ccgtctcttc ccgtccctga tgacaaagat cttgccttac agactttaca ggcttggctt 1072

tgagattctg taactgcaga cttcattagc acacagattc actttaattt ctttaattttt 1132

tttttaaata caaggagggg gctattaaca cccagtacag acatatccac aaggtcgtaa 1192

atgcatgcta gaaaaatagg gctggatctt atcactgccc tgtctcccct tgtttctctg 1252

tgccagatct tcagtgcctc tttccataca gggatttttt tctcatagag taattatatg 1312

aacagttttt atgacctcct ttggtctga aatactttcg aacagaattt ctttttttta 1372

aaaaaaaaca gagatggggg cttactatgt tgcccaggct ggtgtcgaac tcctgggctc 1432

aagcgatcct tctgccttgg cctcccgaag tgctgggatt gcaggcataa gctaccatgc 1492

tgggcctgaa cataatttca agaggaggat ttataaaacc attttctgta atcaaatgat 1552

tggtgtcatt ttcccatgtg ccaatgtagt ctcactt 1589

<210> 107

<211> 249

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 107

Met Ala Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val

1 5 10 15

Leu Asp Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val

20 25 30

Val Thr Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys

35 40 45

Phe Lys Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn

50 55 60

Ser Gly Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu

65 70 75 80

Gln Pro Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met

85 90 95

Val Gln Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val

100 105 110

Trp Lys Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys

115 120 125

Val Phe Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro

130 135 140

Ser Lys Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro  
145 150 155 160

Lys Pro His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met  
165 170 175

Glu Glu Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu  
180 185 190

Asn Arg His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His  
195 200 205

Ser Asp Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val  
210 215 220

Thr Ser Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile  
225 230 235 240

Gly Phe Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu  
245

<210> 108

<211> 1595

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (232)..(978)

<400> 108

agtgcgcgtg gccgtggcgg ctggtgtggg gttgagtcag ttgtgggacc cggagctgct 60

gacccagcgg gtggcccacc gaaccggtga cacagcggca ggcgttaggg ctcgaggagcc 120

gcgagcctgg cctcgtccta gagctcggcc gagccgtcgc cgccgtcgtc ccccgccccc 180

agtcagcaaa ccgccgccgc gggcgcgccc ccgctctgcg ctgtctctcc g atg gcg 237

Met Ala

1

tcc gcc tca ggg gcc atg gcg aag cac gag cag atc ctg gtc ctc gat 285

Ser Ala Ser Gly Ala Met Ala Lys His Glu Gln Ile Leu Val Leu Asp

5

10

15

ccg ccc aca gac ctc aaa ttc aaa ggc ccc ttc aca gat gta gtc act 333

Pro Pro Thr Asp Leu Lys Phe Lys Gly Pro Phe Thr Asp Val Val Thr

20

25

30

aca aat ctt aaa ttg cga aat cca tcg gat aga aaa gtg tgt ttc aaa 381

Thr Asn Leu Lys Leu Arg Asn Pro Ser Asp Arg Lys Val Cys Phe Lys

35

40

45

50

gtg aag act aca gca cct cgc cgg tac tgt gtg agg ccc aac agt gga 429

Val Lys Thr Thr Ala Pro Arg Arg Tyr Cys Val Arg Pro Asn Ser Gly

55

60

65

att att gac cca ggg tca act gtg act gtt tca gta atg cta cag ccc 477  
Ile Ile Asp Pro Gly Ser Thr Val Thr Val Ser Val Met Leu Gln Pro

70

75

80

ttt gac tat gat ccg aat gaa aag agt aaa cac aag ttt atg gta cag 525  
Phe Asp Tyr Asp Pro Asn Glu Lys Ser Lys His Lys Phe Met Val Gln

85

90

95

aca att ttt gct cca cca aac act tca gat atg gaa gct gtg tgg aaa 573  
Thr Ile Phe Ala Pro Pro Asn Thr Ser Asp Met Glu Ala Val Trp Lys

100

105

110

gag gca aaa cct gat gaa tta atg gat tcc aaa ttg aga tgc gta ttt 621  
Glu Ala Lys Pro Asp Glu Leu Met Asp Ser Lys Leu Arg Cys Val Phe

115

120

125

130

gaa atg ccc aat gaa aat gat aaa ttg aat gat atg gaa cct agc aaa 669  
Glu Met Pro Asn Glu Asn Asp Lys Leu Asn Asp Met Glu Pro Ser Lys

135

140

145

gct gtt cca ctg aat gca tct aag caa gat gga cct atg cca aaa cca 717  
Ala Val Pro Leu Asn Ala Ser Lys Gln Asp Gly Pro Met Pro Lys Pro

150

155

160

cac agt gtt tca ctt aat gat acc gaa aca agg aaa cta atg gaa gag 765  
His Ser Val Ser Leu Asn Asp Thr Glu Thr Arg Lys Leu Met Glu Glu

165

170

175

tgt aaa aga ctt cag gga gaa atg atg aag cta tca gaa gaa aat cgg 813



Cys Lys Arg Leu Gln Gly Glu Met Met Lys Leu Ser Glu Glu Asn Arg  
 180 185 190

cac ctg aga gat gaa ggt tta agg ctc aga aag gta gca cat tcg gat 861  
 His Leu Arg Asp Glu Gly Leu Arg Leu Arg Lys Val Ala His Ser Asp  
 195 200 205 210

aaa cct gga tca acc tca act gca tcc ttc aga gat aat gtc acc agt 909  
 Lys Pro Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ser Phe Arg Asp Asn Val Thr Ser  
 215 220 225

cct ctt cct tca ctt ctt gtt gta att gca gcc att ttc att gga ttc 957  
 Pro Leu Pro Ser Leu Leu Val Val Ile Ala Ala Ile Phe Ile Gly Phe  
 230 235 240

ttt cta ggg aaa ttc atc ttg tagagtgaag catgcagagt gctgtttctt 1008  
 Phe Leu Gly Lys Phe Ile Leu  
 245

ttttttttt tctcttgacc agaaaaagat ttgtttacct accatttcat tggtagtatg 1068

gcccacggtg accatttttt tgtgtgtaca gcgtcatata ggctttgcct ttaatgatct 1128

cttacgggta gaaaacacaa taaaaacaaa ctgttcggct actggacagg ttgtatatta 1188

ccagatcatc actagcagat gtcagttgca cattgagtc tttatgaaat tcataaataa 1248

agaattgttc tttctttgtg gttttaataa gagttcaaga attgttcaga gtcttgtaaa 1308

tggtatttta ataatccctt taaattttat ctgttgctgt tacctcttga aatatgattt 1368

atttagattg ctaatcccac tcattcagga aatgccaaga ggtattcctt ggggaaatgg 1428

tgcctcttac agtgtaaatt tttctcctt tacctttgct aatatcatgg cagaattttt 1488

cttatccctt gtgaggcagt tgttgactga gtttttcac cttacaatcc tgtcccatgg 1548

tatttaacat aaaaaaaaaat aaaactgtta acagattcctt gctcgat 1595

<210> 109

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 109

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1

5

10

15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20

25

30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35

40

45

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln

50

55

60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser  
65 70 75 80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu  
85 90 95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro  
100 105 110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu  
115 120 125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser  
130 135 140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp  
145 150 155 160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn  
165 170 175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro  
180 185 190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu  
195 200 205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg  
210 215 220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala  
225 230 235 240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His  
245 250 255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu  
260 265 270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln  
275 280 285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro  
290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser  
305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu  
325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly  
340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys  
355 360 365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys

370

375

380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala

385

390

395

400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg

405

410

415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu

420

425

430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg

435

440

445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu

450

455

460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp

465

470

475

480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val

485

490

495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly

500

505

510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly

515

520

525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

530

535

540

<210> 110

<211> 1810

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (102)..(1721)

<400> 110

aaccgtaaca gccaccagac aagcttcagt ggccggccct tcacatccag acttgccctga 60

gaggacccac ctctgagtgt ccagtgggtca gttgccccag g atg ggg acc aca gcc 116

Met Gly Thr Thr Ala

1

5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164

Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser

10

15

20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212

Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25

30

35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg  
 40 45 50

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308  
 Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe  
 55 60 65

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356  
 Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro  
 70 75 80 85

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404  
 Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu  
 90 95 100

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452  
 Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu  
 105 110 115

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500  
 Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro  
 120 125 130

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548  
 Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln  
 135 140 145

cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596  
 His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

|   |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|
| 150   | 155 | 160 | 165 |     |
| ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc |     |     |     | 644 |
| Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys |     |     |     |     |
|   | 170 | 175 | 180 |     |
| ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag |     |     |     | 692 |
| Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln |     |     |     |     |
|   | 185 | 190 | 195 |     |
| tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg |     |     |     | 740 |
| Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu |     |     |     |     |
|   | 200 | 205 | 210 |     |
| gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc |     |     |     | 788 |
| Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg |     |     |     |     |
|   | 215 | 220 | 225 |     |
| cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt |     |     |     | 836 |
| Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys |     |     |     |     |
| 230   | 235 | 240 | 245 |     |
| gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg |     |     |     | 884 |
| Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg |     |     |     |     |
|   | 250 | 255 | 260 |     |
| cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca |     |     |     | 932 |
| Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro |     |     |     |     |
|   | 265 | 270 | 275 |     |



cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980

His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser

280

285

290

ggt ctt gag ctg cct ttc cct cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028

Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile

295

300

305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076

Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu

310

315

320

325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124

Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu

330

335

340

gag agg gag ttc cag cgc tgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172

Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys

345

350

355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220

Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu

360

365

370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375

380

385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316  
 Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr  
 390 395 400 405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc ggt cga gtc acc ccc aac ctc 1364  
 Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Gly Arg Val Thr Pro Asn Leu  
 410 415 420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412  
 Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His  
 425 430 435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460  
 Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro  
 440 445 450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508  
 Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile  
 455 460 465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556  
 Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu  
 470 475 480 485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604  
 Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile  
 490 495 500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa gaa tgagtcaccc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tggggggaac cccaccctgc cccaccctgc tgaacactca ttacactaaa cacctcttg 1810

<210> 111

<211> 540

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 111

Met Gly Thr Thr Ala Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val

1

5

10

15

Ala Ser Ala Ala Ser Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln

20

25

30

Leu Arg Pro Glu His Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser

35

40

45

Pro Pro Leu Ser Arg Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln  
50 55 60

His Gly Pro Pro Phe Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser  
65 70 75 80

Gln Glu Ala Thr Pro Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu  
85 90 95

Pro Ala Glu Lys Glu Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro  
100 105 110

Leu Gln Lys Glu Leu Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu  
115 120 125

Gly Thr Pro Ala Pro Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser  
130 135 140

Trp Asn Ala Ala Gln His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp  
145 150 155 160

Gly His Arg Leu Asp Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn  
165 170 175

Leu Asn Gln Ile Cys Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro  
180 185 190

Trp Asn Leu Pro Gln Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu  
195 200 205

Thr Leu Asn Phe Leu Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg  
210 215 220

Ser His Thr Asn Arg Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala  
225 230 235 240

Met Ser Arg Phe Cys Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His  
245 250 255

Trp Cys Cys Thr Arg Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu  
260 265 270

Glu Ala Pro Gln Pro His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln  
275 280 285

Pro Asp Ile Ser Ser Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro  
290 295 300

Thr Leu Asp Asn Ile Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser  
305 310 315 320

Val Pro Arg Asn Leu Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu  
325 330 335

Ala Leu Ile Gln Leu Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly  
340 345 350

Asn Asn His Thr Cys Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys

355

360

365

Tyr Cys Asp Arg Glu Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys

370

375

380

Arg His Pro Pro Ser Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala

385

390

395

400

Pro Tyr Pro Asn Tyr Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg

405

410

415

Val Thr Pro Asn Leu Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu

420

425

430

Thr Lys His Lys His Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg

435

440

445

Cys Cys Asp Leu Pro Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu

450

455

460

Lys Leu Thr Phe Ile Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp

465

470

475

480

Arg Asp Pro Ala Leu Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val

485

490

495

Asn Cys Phe Asn Ile Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly

500

505

510

Asp Thr Glu Asn Ala Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly  
 515 520 525

Thr Asn Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu  
 530 535 540

<210> 112  
 <211> 1810  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (102)..(1721)

<400> 112  
 aaccgtaaca gccaccagac aagcttcagt ggccggccct tcacatccag acttgcctga 60  
 gaggaccac ctctgagtgt ccagtgggtca gttgccccag g atg ggg acc aca gcc 116  
 Met Gly Thr Thr Ala  
 1 5

aga gca gcc ttg gtc ttg acc tat ttg gct gtt gct tct gct gcc tct 164  
 Arg Ala Ala Leu Val Leu Thr Tyr Leu Ala Val Ala Ser Ala Ala Ser  
 10 15 20

gag gga ggc ttc acg gct aca gga cag agg cag ctg agg cca gag cac 212  
 Glu Gly Gly Phe Thr Ala Thr Gly Gln Arg Gln Leu Arg Pro Glu His

25

30

35

ttt caa gaa gtt ggc tac gca gct ccc ccc tcc cca ccc cta tcc cga 260

Phe Gln Glu Val Gly Tyr Ala Ala Pro Pro Ser Pro Pro Leu Ser Arg

40

45

50

agc ctc ccc atg gat cac cct gac tcc tct cag cat ggc cct ccc ttt 308

Ser Leu Pro Met Asp His Pro Asp Ser Ser Gln His Gly Pro Pro Phe

55

60

65

gag gga cag agt caa gtg cag ccc cct ccc tct cag gag gcc acc cct 356

Glu Gly Gln Ser Gln Val Gln Pro Pro Pro Ser Gln Glu Ala Thr Pro

70

75

80

85

ctc caa cag gaa aag ctg cta cct gcc caa ctc cct gct gaa aag gaa 404

Leu Gln Gln Glu Lys Leu Leu Pro Ala Gln Leu Pro Ala Glu Lys Glu

90

95

100

gtg ggt ccc cct ctc cct cag gaa gct gtc ccc ctc caa aaa gag ctg 452

Val Gly Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Val Pro Leu Gln Lys Glu Leu

105

110

115

ccc tct ctc cag cac ccc aat gaa cag aag gaa gga acg cca gct cca 500

Pro Ser Leu Gln His Pro Asn Glu Gln Lys Glu Gly Thr Pro Ala Pro

120

125

130

ttt ggg gac cag agc cat cca gaa cct gag tcc tgg aat gca gcc cag 548

Phe Gly Asp Gln Ser His Pro Glu Pro Glu Ser Trp Asn Ala Ala Gln

135

140

145



cac tgc caa cag gac cgg tcc caa ggg ggc tgg ggc cac cgg ctg gat 596

His Cys Gln Gln Asp Arg Ser Gln Gly Gly Trp Gly His Arg Leu Asp

150 155 160 165

ggc ttc ccc cct ggg cgg cct tct cca gac aat ctg aac caa atc tgc 644

Gly Phe Pro Pro Gly Arg Pro Ser Pro Asp Asn Leu Asn Gln Ile Cys

170 175 180

ctt cct aac cgt cag cat gtg gta tat ggt ccc tgg aac cta cca cag 692

Leu Pro Asn Arg Gln His Val Val Tyr Gly Pro Trp Asn Leu Pro Gln

185 190 195

tcc agc tac tcc cac ctc act cgc cag ggt gag acc ctc aat ttc ctg 740

Ser Ser Tyr Ser His Leu Thr Arg Gln Gly Glu Thr Leu Asn Phe Leu

200 205 210

gag att gga tat tcc cgc tgc tgc cac tgc cgc agc cac aca aac cgc 788

Glu Ile Gly Tyr Ser Arg Cys Cys His Cys Arg Ser His Thr Asn Arg

215 220 225

cta gag tgt gcc aaa ctt gtg tgg gag gaa gca atg agc cga ttc tgt 836

Leu Glu Cys Ala Lys Leu Val Trp Glu Glu Ala Met Ser Arg Phe Cys

230 235 240 245

gag gcc gag ttc tcg gtc aag acc cga ccc cac tgg tgc tgc acg cgg 884

Glu Ala Glu Phe Ser Val Lys Thr Arg Pro His Trp Cys Cys Thr Arg

250 255 260

cag ggg gag gct cgg ttc tcc tgc ttc cag gag gaa gct ccc cag cca 932  
Gln Gly Glu Ala Arg Phe Ser Cys Phe Gln Glu Glu Ala Pro Gln Pro

265

270

275

cac tac cag ctc cgg gcc tgc ccc agc cat cag cct gat att tcc tcg 980  
His Tyr Gln Leu Arg Ala Cys Pro Ser His Gln Pro Asp Ile Ser Ser

280

285

290

ggt ctt gag ctg cct ttc cct cct ggg gtg ccc aca ttg gac aat atc 1028  
Gly Leu Glu Leu Pro Phe Pro Pro Gly Val Pro Thr Leu Asp Asn Ile

295

300

305

aag aac atc tgc cac ctg agg cgc ttc cgc tct gtg cca cgc aac ctg 1076  
Lys Asn Ile Cys His Leu Arg Arg Phe Arg Ser Val Pro Arg Asn Leu

310

315

320

325

cca gct act gac ccc cta caa agg gag ctg ctg gca ctg atc cag ctg 1124  
Pro Ala Thr Asp Pro Leu Gln Arg Glu Leu Leu Ala Leu Ile Gln Leu

330

335

340

gag agg gag ttc cag cgc tgc tgc cgc cag ggg aac aat cac acc tgt 1172  
Glu Arg Glu Phe Gln Arg Cys Cys Arg Gln Gly Asn Asn His Thr Cys

345

350

355

aca tgg aag gcc tgg gag gat acc ctt gac aaa tac tgt gac cgg gag 1220  
Thr Trp Lys Ala Trp Glu Asp Thr Leu Asp Lys Tyr Cys Asp Arg Glu

360

365

370

tat gct gtg aag acc cac cac cac ttg tgt tgc cgc cac cct ccc agc 1268

Tyr Ala Val Lys Thr His His His Leu Cys Cys Arg His Pro Pro Ser

375

380

385

cct act cgg gat gag tgc ttt gcc cgt cgg gct cct tac ccc aac tat 1316

Pro Thr Arg Asp Glu Cys Phe Ala Arg Arg Ala Pro Tyr Pro Asn Tyr

390

395

400

405

gac cgg gac atc ttg acc att gac atc agt cga gtc acc ccc aac ctc 1364

Asp Arg Asp Ile Leu Thr Ile Asp Ile Ser Arg Val Thr Pro Asn Leu

410

415

420

atg ggc cac ctc tgt gga aac caa aga gtt ctc acc aag cat aaa cat 1412

Met Gly His Leu Cys Gly Asn Gln Arg Val Leu Thr Lys His Lys His

425

430

435

att cct ggg ctg atc cac aac atg act gcc cgc tgc tgt gac ctg cca 1460

Ile Pro Gly Leu Ile His Asn Met Thr Ala Arg Cys Cys Asp Leu Pro

440

445

450

ttt cca gaa cag gcc tgc tgt gca gag gag gag aaa tta acc ttc atc 1508

Phe Pro Glu Gln Ala Cys Cys Ala Glu Glu Glu Lys Leu Thr Phe Ile

455

460

465

aat gat ctg tgt ggt ccc cga cgt aac atc tgg cga gac cct gcc ctc 1556

Asn Asp Leu Cys Gly Pro Arg Arg Asn Ile Trp Arg Asp Pro Ala Leu

470

475

480

485

tgc tgt tac ctg agt cct ggg gat gaa cag gtc aac tgc ttc aac atc 1604

Cys Cys Tyr Leu Ser Pro Gly Asp Glu Gln Val Asn Cys Phe Asn Ile

490

495

500

aat tat ctg agg aac gtg gct cta gtg tct gga gac act gag aac gcc 1652

Asn Tyr Leu Arg Asn Val Ala Leu Val Ser Gly Asp Thr Glu Asn Ala

505

510

515

aag ggc cag ggg gag cag ggc tca act gga gga aca aat atc agc tcc 1700

Lys Gly Gln Gly Glu Gln Gly Ser Thr Gly Gly Thr Asn Ile Ser Ser

520

525

530

acc tct gag ccc aag gaa gaa tgagtcaccc cagagcccta gagggtcaga 1751

Thr Ser Glu Pro Lys Glu Glu

535

540

tggggggaac cccaccctgc cccacccatc tgaacactca ttacactaaa cacctcttg 1810

<210> 113

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 113

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala

1

5

10

15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe

20

25

30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu  
35 40 45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val  
50 55 60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu  
65 70 75 80

Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val  
85 90 95

Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu  
100 105 110

Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys  
115 120 125

Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys  
130 135 140

Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu  
145 150 155 160

Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile  
165 170 175

Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys  
180 185 190

Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile

195

200

205

Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn

210

215

220

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val

225

230

235

240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro

245

250

255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser

260

265

270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu

275

280

285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln

290

295

300

Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met

305

310

315

320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp

325

330

335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu

340

345

350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser

355

360

365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile

370

375

380

<210> 114

<211> 3074

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1346)

<400> 114

aacttttacg aggtatcagc acttttcttt cattaggggg aaggcgtgag gaaagtacca 60

aacagcagcg gagttttaaa ctttaaatac acaggtctga gtgcctgaac ttgccttttc 120

attttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac ttttaagcaa 180

aagagtgggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1

5

10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281

Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser

15

20

25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329

Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser

30

35

40

gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377

Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro

45

50

55

ggt tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425

Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val

60

65

70

75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473

Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu

80

85

90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521

Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn

95

100

105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569

Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val

110

115

120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617



Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125

130

135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665

Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140

145

150

155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg 713

Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu

160

165

170

atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc 761

Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys

175

180

185

aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc 809

Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro

190

195

200

acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg 857

Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val

205

210

215

tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc 905

Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly

220

225

230

235

gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt 953

Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 240   | 245 | 250 |      |
| ggt gcg ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat |     |     | 1001 |
| Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr |     |     |      |
| 255   | 260 | 265 |      |
| ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc etc tcg cct atg tct cct |     |     | 1049 |
| Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro |     |     |      |
| 270   | 275 | 280 |      |
| cct ggg tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc |     |     | 1097 |
| Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg |     |     |      |
| 285   | 290 | 295 |      |
| aat tac aac aag caa gca agt gag caa acc tgg gct aat tac agt gca |     |     | 1145 |
| Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Thr Trp Ala Asn Tyr Ser Ala |     |     |      |
| 300   | 305 | 310 | 315  |
| gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat |     |     | 1193 |
| Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His |     |     |      |
| 320   | 325 | 330 |      |
| gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta |     |     | 1241 |
| Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu |     |     |      |
| 335   | 340 | 345 |      |
| gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct |     |     | 1289 |
| Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro |     |     |      |
| 350   | 355 | 360 |      |

tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc aga cct cgg cct gat gac 1337

Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp

365

370

375

ctg gag atc tagatacagg cttgaaagca tcaagattcc actcaattgt 1386

Leu Glu Ile

380

ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtgc accaggtgtt aattttgatc cgggtggaggt 1446

ggtactcaac agccttattc atgaggctta gaaaacacaa agacattaga atacctaggt 1506

tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agagggaggg gataagagag gtgcatgttg 1566

gtatttaaag tagtggattc aaagaactta gattataaat aagagttcca ttaggtgata 1626

catagataag ggctttttct ccccgcaaac acccctaaga atggttctgt gtatgtgaat 1686

gagcgggtgg taattgtggc taaatatttt tgttttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtcttttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccttgctaaa acattccatt gttaaaattt gcactttgaa ggtaagcttt 1866

ctaggcctga cctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atattttttt attcttggtg 1926

tcagtttaaa attcagacaa ggcccacaga ataagatttt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattcctcag 2046

ctactactca cattcattta atggtttctg taaacatttt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt ttttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata ttttaacaatc 2166

acttatatgt gtgtcgaaga gtttgttttg ttgtcatgt attggtacaa gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga ttgaaaata atgcacatat ggtgttcaaa ttgaaacctt 2286

tctcatggat ttttgtgtg tgggccaaata tgggttttac attatataat tcctgctgtg 2346

gcaagtaaag cacacttttt tttctccta aaatgttttt cctgtgtat cctattatgg 2406

atactggttt tgtaaattat gattctttat tttctctcct ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac tgaaatgaat ttcctttttc tgaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaattttagt actgtaaaca ggcttttagtc attaatgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga attttgcagt aactggtatt cttgggtttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta tgagtttagc agtcttttgg 2706

agtgaccagc aactttgatg ttgactaa gattttatit ggaatgcaag agaggttgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatttgaac tatatgttga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgccttt tttaaaactc atcacagaag attggtgaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcat gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttggt tgacattcca tgttaaacta cggatcatgtt cagcttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc tttattcaat aaagttttaa 3066

tttagtat 3074

<210> 115

<211> 382

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 115

Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu Asp Lys Val Gln Ala

1 5 10 15

Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser Val Leu Phe Ile Phe

20 25 30

Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser Ala Trp Gly Asp Glu

35 40 45

Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro Gly Cys Glu Asn Val

50 55 60

Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val Arg Phe Trp Val Leu

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 65  | 70  | 75  | 80  |
| Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu Tyr Leu Ala His Val |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
| Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn Lys Lys Glu Glu Glu |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 |     |
| Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val Asp Met His Leu Lys |     |     |     |
| 115   | 120 | 125 |     |
| Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile Glu Glu His Gly Lys |     |     |     |
| 130   | 135 | 140 |     |
| Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr Ile Ile Ser Ile Leu |     |     |     |
| 145   | 150 | 155 | 160 |
| Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu Ile Gln Trp Tyr Ile |     |     |     |
| 165   | 170 | 175 |     |
| Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys Lys Arg Asp Pro Cys |     |     |     |
| 180   | 185 | 190 |     |
| Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro Thr Glu Lys Thr Ile |     |     |     |
| 195   | 200 | 205 |     |
| Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val Ser Leu Ala Leu Asn |     |     |     |
| 210   | 215 | 220 |     |

Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly Val Lys Asp Arg Val  
225 230 235 240

Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser Gly Ala Leu Ser Pro  
245 250 255

Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr Phe Asn Gly Cys Ser  
260 265 270

Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro Pro Gly Tyr Lys Leu  
275 280 285

Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg Asn Tyr Asn Lys Gln  
290 295 300

Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala Glu Gln Asn Arg Met  
305 310 315 320

Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His Ala Gln Pro Phe Asp  
325 330 335

Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu Ala Ala Gly His Glu  
340 345 350

Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro Ser Ser Arg Ala Ser  
355 360 365

Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp Leu Glu Ile  
370 375 380

<210> 116  
 <211> 3074  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (201)..(1346)

<400> 116  
 aacttttacg aggtatcagc acttttcttt cattaggggg aaggcgtgag gaaagtacca 60  
 aacagcagcg gagttttaaa ctttaaatac acaggtctga gtgcctgaac ttgccttttc 120  
 attttacttc atcctccaag gagttcaatc acttggcgtg acttcactac ttttaagcaa 180  
 aagagtgggtg cccaggcaac atg ggt gac tgg agc gcc tta ggc aaa ctc ctt 233  
 Met Gly Asp Trp Ser Ala Leu Gly Lys Leu Leu

1 5 10

gac aag gtt caa gcc tac tca act gct gga ggg aag gtg tgg ctg tca 281  
 Asp Lys Val Gln Ala Tyr Ser Thr Ala Gly Gly Lys Val Trp Leu Ser

15 20 25

gta ctt ttc att ttc cga atc ctg ctg ctg ggg aca gcg gtt gag tca 329  
 Val Leu Phe Ile Phe Arg Ile Leu Leu Leu Gly Thr Ala Val Glu Ser

30 35 40



gcc tgg gga gat gag cag tct gcc ttt cgt tgt aac act cag caa cct 377

Ala Trp Gly Asp Glu Gln Ser Ala Phe Arg Cys Asn Thr Gln Gln Pro

45

50

55

ggc tgt gaa aat gtc tgc tat gac aag tct ttc cca atc tct cat gtg 425

Gly Cys Glu Asn Val Cys Tyr Asp Lys Ser Phe Pro Ile Ser His Val

60

65

70

75

cgc ttc tgg gtc ctg cag atc ata ttt gtg tct gta ccc aca ctc ttg 473

Arg Phe Trp Val Leu Gln Ile Ile Phe Val Ser Val Pro Thr Leu Leu

80

85

90

tac ctg gct cat gtg ttc tat gtg atg cga aag gaa gag aaa ctg aac 521

Tyr Leu Ala His Val Phe Tyr Val Met Arg Lys Glu Glu Lys Leu Asn

95

100

105

aag aaa gag gaa gaa ctc aag gtt gcc caa act gat ggt gtc aat gtg 569

Lys Lys Glu Glu Glu Leu Lys Val Ala Gln Thr Asp Gly Val Asn Val

110

115

120

gac atg cac ttg aag cag att gag ata aag aag ttc aag tac ggt att 617

Asp Met His Leu Lys Gln Ile Glu Ile Lys Lys Phe Lys Tyr Gly Ile

125

130

135

gaa gag cat ggt aag gtg aaa atg cga ggg ggg ttg ctg cga acc tac 665

Glu Glu His Gly Lys Val Lys Met Arg Gly Gly Leu Leu Arg Thr Tyr

140

145

150

155

atc atc agt atc ctc ttc aag tct atc ttt gag gtg gcc ttc ttg ctg 713  
Ile Ile Ser Ile Leu Phe Lys Ser Ile Phe Glu Val Ala Phe Leu Leu

160 165 170

atc cag tgg tac atc tat gga ttc agc ttg agt gct gtt tac act tgc 761  
Ile Gln Trp Tyr Ile Tyr Gly Phe Ser Leu Ser Ala Val Tyr Thr Cys

175 180 185

aaa aga gat ccc tgc cca cat cag gtg gac tgt ttc ctc tct cgc ccc 809  
Lys Arg Asp Pro Cys Pro His Gln Val Asp Cys Phe Leu Ser Arg Pro

190 195 200

acg gag aaa acc atc ttc atc atc ttc atg ctg gtg gtg tcc ttg gtg 857  
Thr Glu Lys Thr Ile Phe Ile Ile Phe Met Leu Val Val Ser Leu Val

205 210 215

tcc ctg gcc ttg aat atc att gaa ctc ttc tat gtt ttc ttc aag ggc 905  
Ser Leu Ala Leu Asn Ile Ile Glu Leu Phe Tyr Val Phe Phe Lys Gly

220 225 230 235

gtt aag gat cgg gtt aag gga aag agc gac cct tac cat gcg acc agt 953  
Val Lys Asp Arg Val Lys Gly Lys Ser Asp Pro Tyr His Ala Thr Ser

240 245 250

ggc ggc ctg agc cct gcc aaa gac tgt ggg tct caa aaa tat gct tat 1001  
Gly Ala Leu Ser Pro Ala Lys Asp Cys Gly Ser Gln Lys Tyr Ala Tyr

255 260 265

ttc aat ggc tgc tcc tca cca acc gct ccc ctc tcg cct atg tct cct 1049

Phe Asn Gly Cys Ser Ser Pro Thr Ala Pro Leu Ser Pro Met Ser Pro  
270 275 280

cct ggg tac aag ctg gtt act ggc gac aga aac aat tct tct tgc cgc 1097  
Pro Gly Tyr Lys Leu Val Thr Gly Asp Arg Asn Asn Ser Ser Cys Arg  
285 290 295

aat tac aac aag caa gca agt gag caa aac tgg gct aat tac agt gca 1145  
Asn Tyr Asn Lys Gln Ala Ser Glu Gln Asn Trp Ala Asn Tyr Ser Ala  
300 305 310 315

gaa caa aat cga atg ggg cag gcg gga agc acc atc tct aac tcc cat 1193  
Glu Gln Asn Arg Met Gly Gln Ala Gly Ser Thr Ile Ser Asn Ser His  
320 325 330

gca cag cct ttt gat ttc ccc gat gat aac cag aat tct aaa aaa cta 1241  
Ala Gln Pro Phe Asp Phe Pro Asp Asp Asn Gln Asn Ser Lys Lys Leu  
335 340 345

gct gct gga cat gaa tta cag cca cta gcc att gtg gac cag cga cct 1289  
Ala Ala Gly His Glu Leu Gln Pro Leu Ala Ile Val Asp Gln Arg Pro  
350 355 360

tca agc aga gcc agc agt cgt gcc agc agc aga cct cgg cct gat gac 1337  
Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Ala Ser Ser Arg Pro Arg Pro Asp Asp  
365 370 375

ctg gag atc tagatacagg cttgaaagca tcaagattcc actcaattgt 1386  
Leu Glu Ile

380

ggagaagaaa aaaggtgctg tagaaagtc accaggtgtt aattttgatc cggaggaggt 1446

ggtactcaac agccttattc atgaggctta gaaaacacaa agacattaga atacctaggt 1506

tcactggggg tgtatggggt agatgggtgg agaggagggg gataagagag gtgcatgttg 1566

gtatttaaag tagtggattc aaagaactta gattataaat aagagttcca ttaggtgata 1626

catagataag ggctttttct ccccgcaaac acccctaaga atggttctgt gtatgtgaat 1686

gagcgggtgg taattgtggc taaatatttt tgttttacca agaaactgaa ataattctgg 1746

ccaggaataa atacttcctg aacatcttag gtcitttcaa caagaaaaag acagaggatt 1806

gtccttaagt ccctgctaaa acattccatt gttaaaattt gcactttgaa ggtaagcttt 1866

ctaggcctga ccctccaggt gtcaatggac ttgtgctact atattttttt attcttggtg 1926

tcagtttaaa attcagacaa ggcccacaga ataagatttt ccatgcattt gcaaatacgt 1986

atattctttt tccatccact tgcacaatat cattaccatc actttttcat cattcctcag 2046

ctactactca cattcattta atggtttctg taaacatttt taagacagtt gggatgtcac 2106

ttaacatttt ttttttgagc taaagtcagg gaatcaagcc atgcttaata ttttaacaac 2166

acttatatgt gtgtcgaaga gtttgttttg tttgtcatgt attggtacaa gcagatacag 2226

tataaactca caaacacaga ttgaaaata atgcacatat ggtgttcaaa ttigaacctt 2286

tctcatggat ttttgtggtg tgggccaata tgggtgtttac attatataat tcctgctgtg 2346

gcaagtaaag cacacttttt ttttctccta aaatgttttt cctgtgtat cctattatgg 2406

atactggttt tgtaattat gattctttat tttctctcct ttttttagga tatagcagta 2466

atgctattac tgaaatgaat ttcctttttc tgaaatgtaa tcattgatgc ttgaatgata 2526

gaattttagt actgtaaaca ggcttttagtc attaatgtga gagacttaga aaaaaatgct 2586

tagagtggac tattaaatgt gcctaaatga attttgcagt aactgggtatt cttgggtttt 2646

cctacttaat acacagtaat tcagaacttg tattctatta tgagtttagc agtcttttgg 2706

agtgaccagc aactttgatg ttgactaa gattttatit ggaatgcaag agaggttgaa 2766

agaggattca gtagtacaca tacaactaat ttatttgaac tatatgttga agacatctac 2826

cagtttctcc aaatgccttt tttaaaactc atcacagaag attggtgaaa atgctgagta 2886

tgacactttt cttcttgcac gcatgtcagc tacataaaca gttttgtaca atgaaaatta 2946

ctaatttggt tgacattcca tgttaaacta cggatcatgtt cagcttcatt gcatgtaatg 3006

tagacctagt ccatcagatc atgtgttctg gagagtgttc tttattcaat aaagtittta 3066

tttagtat

3074

&lt;210&gt; 117

&lt;211&gt; 398

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapiens

&lt;400&gt; 117

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1

5

10

15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20

25

30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35

40

45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50

55

60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65

70

75

80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly

85

90

95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg

100

105

110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn

115

120

125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe

130

135

140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala

145

150

155

160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn

165

170

175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val

180

185

190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu

195

200

205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr

210

215

220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala

225

230

235

240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu

245

250

255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr

260

265

270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg

275

280

285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro

290

295

300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg

305

310

315

320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr

325

330

335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu

340

345

350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala

355

360

365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu Lys Leu Asn Ile

370

375

380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu

385

390

395

<210> 118

<211> 2054



<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 118

cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttggagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc etc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg gga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Gly Val Arg Ala Glu

15

20

25

gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207

Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr

30

35

40

gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct gct ggc acc atg 255

Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met

45

50

55

60

gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag 303

Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys

65

70

75

gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag 351

Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu

80

85

90

gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca 399

Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala

95

100

105

gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg 447

Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met

110

115

120

aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt 495

Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe

125

130

135

140

ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga 543

Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg

145

150

155

agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc 591

Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr

160

165

170

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639

Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile

175

180

185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687  
 Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser  
 190 195 200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735  
 Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu  
 205 210 215 220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783  
 Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr  
 225 230 235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831  
 Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys  
 240 245 250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879  
 Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu  
 255 260 265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927  
 Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg  
 270 275 280

gcc ctc aga cga gcc aga gcc aat ctt cag tca gta ccg cat gcc tca 975  
 Ala Leu Arg Arg Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser  
 285 290 295 300

gcc tca cgc ccc cgg gtc act gag cca atc tca gct gaa agc ggt gaa 1023

Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu  
305 310 315

cag gtg gag aga gtt aat gaa ccc agc atc ctg gaa atg agc aga gga 1071  
Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly  
320 325 330

gtc aag ctc acg gat gtg gcc cct gta agc ttc ttt ctt gtg ctg gat 1119  
Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp  
335 340 345

gta gtc tac ctc gtg tac gaa tca aag cac tta cat gag ggg gca aag 1167  
Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys  
350 355 360

tca gag aca gct gag gag ctg aag aag gtg gct cag gag ctg gag gag 1215  
Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu  
365 370 375 380

aag cta aac att ctc aac aat aat tat aag att ctg cag gcg gac caa 1263  
Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln  
385 390 395

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcaggggccca 1319  
Glu Leu

ggacaaaatg caaacttttt ttttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcttga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccaggaaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag ttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaca gcggctccac tacagaccca gccccagggt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtctttccc tggatgaggt cccctgccct gtctttccag catccactct 1679

cccttgctct cctgggggca tatctcagtc aggcagcggc ttcctgatga tggtcgttgg 1739

ggtggttgct atgtgatggg tcccctccag gttactaaag ggtgcatgtc cctgcttga 1799

acactgaagg gcaggtggtg agccatggcc atggtcccca gctgaggagc aggtgtccct 1859

gagaacccaa acttcccaga gagtatgtga gaaccaacca atgaaaacag tcccctcgtc 1919

cttaccgggt aagtaaacag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979

gctcagatct ctagagctgt ctgtccccg cccaggattg acctgtgtaa gtcccaataa 2039

actcacctac tcatac 2054

<210> 119

<211> 398

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 119

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu Cys Ile Trp Met

1 5 10 15

Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu Glu Ala Gly Ala

20 25 30

Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr Gly Asp Pro Gln

35 40 45

Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met Asp Pro Glu Ser

50 55 60

Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys Glu Lys Val Ser

65 70 75 80

Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu Ala Trp Asn Gly

85 90 95

Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala Asp Glu Leu Arg

100 105 110

Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met Lys Asp Lys Asn

115 120 125

Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe Leu Lys Glu Phe

130 135 140

Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg Arg Leu Arg Ala

145                      150                      155                      160

Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr Thr Ile Ala Asn

165                      170                      175

Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile Leu Thr Leu Val

180                      185                      190

Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser Leu Val Leu Leu

195                      200                      205

Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu Thr Gly Ile Thr

210 215 220

Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr Gln Ala Gln Ala

225                      230                      235                      240

His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys Glu Val Lys Glu

245                      250                      255

Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu Ala Gly Asn Thr

260 265 270

Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg Ala Leu Arg Arg

275                      280                      285

Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser Ala Ser Arg Pro

290                      295                      300

Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu Gln Val Glu Arg  
305 310 315 320

Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly Val Lys Leu Thr  
325 330 335

Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp Val Val Tyr Leu  
340 345 350

Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys Ser Glu Thr Ala  
355 360 365

Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu Lys Leu Asn Ile  
370 375 380

Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln Glu Leu  
385 390 395

<210> 120

<211> 2054

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1269)

<400> 120



cacacagctc agaacagctg gatcttgctc agtctctgcc aggggaagat tccttggagg 60

aggccctgca gcgac atg gag gga gct gct ttg ctg aga gtc tct gtc ctc 111

Met Glu Gly Ala Ala Leu Leu Arg Val Ser Val Leu

1

5

10

tgc atc tgg atg agt gca ctt ttc ctt ggt gtg aga gtg agg gca gag 159

Cys Ile Trp Met Ser Ala Leu Phe Leu Gly Val Arg Val Arg Ala Glu

15

20

25

gaa gct gga gcg agg gtg caa caa aac gtt cca agt ggg aca gat act 207

Glu Ala Gly Ala Arg Val Gln Gln Asn Val Pro Ser Gly Thr Asp Thr

30

35

40

gga gat cct caa agt aag ccc ctc ggt gac tgg gct gct ggc acc atg 255

Gly Asp Pro Gln Ser Lys Pro Leu Gly Asp Trp Ala Ala Gly Thr Met

45

50

55

60

gac cca gag agc agt atc ttt att gag gat gcc att aag tat ttc aag 303

Asp Pro Glu Ser Ser Ile Phe Ile Glu Asp Ala Ile Lys Tyr Phe Lys

65

70

75

gaa aaa gtg agc aca cag aat ctg cta ctc ctg ctg act gat aat gag 351

Glu Lys Val Ser Thr Gln Asn Leu Leu Leu Leu Leu Thr Asp Asn Glu

80

85

90

gcc tgg aac gga ttc gtg gct gct gct gaa ctg ccc agg aat gag gca 399

Ala Trp Asn Gly Phe Val Ala Ala Ala Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ala

95

100

105

gat gag ctc cgt aaa gct ctg gac aac ctt gca aga caa atg atc atg 447

Asp Glu Leu Arg Lys Ala Leu Asp Asn Leu Ala Arg Gln Met Ile Met

110

115

120

aaa gac aaa aac tgg cac gat aaa ggc cag cag tac aga aac tgg ttt 495

Lys Asp Lys Asn Trp His Asp Lys Gly Gln Gln Tyr Arg Asn Trp Phe

125

130

135

140

ctg aaa gag ttt cct cgg ttg aaa agt aag ctt gag gat aac ata aga 543

Leu Lys Glu Phe Pro Arg Leu Lys Ser Lys Leu Glu Asp Asn Ile Arg

145

150

155

agg ctc cgt gcc ctt gca gat ggg gtt cag aag gtc cac aaa ggc acc 591

Arg Leu Arg Ala Leu Ala Asp Gly Val Gln Lys Val His Lys Gly Thr

160

165

170

acc atc gcc aat gtg gtg tct ggc tct ctc agc att tcc tct ggc atc 639

Thr Ile Ala Asn Val Val Ser Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Gly Ile

175

180

185

ctg acc ctc gtc ggc atg ggt ctg gca ccc ttc aca gag gga ggc agc 687

Leu Thr Leu Val Gly Met Gly Leu Ala Pro Phe Thr Glu Gly Gly Ser

190

195

200

ctt gta ctc ttg gaa cct ggg atg gag ttg gga atc aca gca gct ttg 735

Leu Val Leu Leu Glu Pro Gly Met Glu Leu Gly Ile Thr Ala Ala Leu

205

210

215

220

acc ggg att acc agc agt acc ata gac tac gga aag aag tgg tgg aca 783  
Thr Gly Ile Thr Ser Ser Thr Ile Asp Tyr Gly Lys Lys Trp Trp Thr

225 230 235

caa gcc caa gcc cac gac ctg gtc atc aaa agc ctt gac aaa ttg aag 831  
Gln Ala Gln Ala His Asp Leu Val Ile Lys Ser Leu Asp Lys Leu Lys

240 245 250

gag gtg aag gag ttt ttg ggt gag aac ata tcc aac ttt ctt tcc tta 879  
Glu Val Lys Glu Phe Leu Gly Glu Asn Ile Ser Asn Phe Leu Ser Leu

255 260 265

gct ggc aat act tac caa ctc aca cga ggc att ggg aag gac atc cgt 927  
Ala Gly Asn Thr Tyr Gln Leu Thr Arg Gly Ile Gly Lys Asp Ile Arg

270 275 280

gcc ctc aga cga gcc aga gcc aat ctt cag tca gta ccg cat gcc tca 975  
Ala Leu Arg Arg Ala Arg Ala Asn Leu Gln Ser Val Pro His Ala Ser

285 290 295 300

gcc tca cgc ccc cgg gtc act gag cca atc tca gct gaa agc ggt gaa 1023  
Ala Ser Arg Pro Arg Val Thr Glu Pro Ile Ser Ala Glu Ser Gly Glu

305 310 315

cag gtg gag aga gtt aat gaa ccc agc atc ctg gaa atg agc aga gga 1071  
Gln Val Glu Arg Val Asn Glu Pro Ser Ile Leu Glu Met Ser Arg Gly

320 325 330

gtc aag ctc acg gat gtg gcc cct gta agc ttc ttt ctt gtg ctg gat 1119

Val Lys Leu Thr Asp Val Ala Pro Val Ser Phe Phe Leu Val Leu Asp  
 335 340 345

gta gtc tac ctc gtg tac gaa tca aag cac tta cat gag ggg gca aag 1167  
 Val Val Tyr Leu Val Tyr Glu Ser Lys His Leu His Glu Gly Ala Lys  
 350 355 360

tca gag aca gct gag gag ctg aag aag gtg gct cag gag ctg gag gag 1215  
 Ser Glu Thr Ala Glu Glu Leu Lys Lys Val Ala Gln Glu Leu Glu Glu  
 365 370 375 380

aag cta aac att ctc aac aat aat tat aag att ctg cag gcg gac caa 1263  
 Lys Leu Asn Ile Leu Asn Asn Asn Tyr Lys Ile Leu Gln Ala Asp Gln  
 385 390 395

gaa ctg tgaccacagg gcagggcagc caccaggaga gatatgcctg gcaggggccca 1319  
 Glu Leu

ggacaaaatg caaacttttt ttttttctga gacagagtct tgctctgtcg ccaagttgca 1379

gtgagccgag atatgccac tgcactccag cctgggtgac agagcgagac tccatctcaa 1439

aaaaaaaaa aaaaagaata tattgacgga agaatagaga ggaggcttga aggaaccagc 1499

aatgagaagg ccaggaaaag aaagagctga aaatggagaa agcccaagag ttagaacagt 1559

tggatacagg agaagaaaca gcggctccac tacagaccca gccccaggtt caatgtcctc 1619

cgaagaatga agtctttccc tggatgatggt cccctgccct gtctttccag catccactct 1679

cccttgctct cctgggggca tatctcagtc aggcagcggc ttcctgatga tggtcgttgg 1739  
 ggtggttgtc atgtgatggg tcccctccag gttactaaag ggtgcatgtc ccctgcttga 1799  
 aactgaagg gcaggtggg agccatggcc atggccccca gctgaggagc aggtgtccct 1859  
 gagaacccaa acttcccaga gagtatgtga gaaccaacca atgaaaacag tcccatcgct 1919  
 cttaccgggt aagtaaacag tcagaaaatt agcatgaaag cagtttagca ttgggaggaa 1979  
 gctcagatct ctagagctgt cttgtccccg cccaggattg acctgtgtaa gtcccaataa 2039  
 actcacctac tcatac 2054

<210> 121  
 <211> 108  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 121  
 Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe  
 1 5 10 15  
 Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu  
 20 25 30  
 Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys

35

40

45

Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val

50

55

60

Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp

65

70

75

80

Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala

85

90

95

Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu Leu Lys Leu Glu

100

105

<210> 122

<211> 1546

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (89)..(412)

<400> 122

actaggcaga gccgtggaac cgccgccagg tcgctgttgg tccacgccgc ccgtcgcgcc 60

gcccgccgc tcagcgtccg ccgccgcc atg gga gtg cag gtg gaa acc atc 112

Met Gly Val Gln Val Glu Thr Ile

1

5

tcc cca gga gac ggg cgc acc ttc ccc aag cgc ggc cag acc tgc gtg 160

Ser Pro Gly Asp Gly Arg Thr Phe Pro Lys Arg Gly Gln Thr Cys Val

10

15

20

gtg cac tac acc ggg atg ctt gaa gat gga aag aaa ttt gat tcc tcc 208

Val His Tyr Thr Gly Met Leu Glu Asp Gly Lys Lys Phe Asp Ser Ser

25

30

35

40

cgg gac aga aac aag ccc ttt aag ttt atg cta ggc aag cag gag gtg 256

Arg Asp Arg Asn Lys Pro Phe Lys Phe Met Leu Gly Lys Gln Glu Val

45

50

55

atc cga ggc tgg gaa gaa ggg gtt gcc cag atg agt gtg ggt cag aga 304

Ile Arg Gly Trp Glu Glu Gly Val Ala Gln Met Ser Val Gly Gln Arg

60

65

70

gcc aaa ctg act ata tct cca gat tat gcc tat ggt gcc act ggg cac 352

Ala Lys Leu Thr Ile Ser Pro Asp Tyr Ala Tyr Gly Ala Thr Gly His

75

80

85

cca ggc atc atc cca cca cat gcc act ctc gtc ttc gat gtg gag ctt 400

Pro Gly Ile Ile Pro Pro His Ala Thr Leu Val Phe Asp Val Glu Leu

90

95

100

cta aaa ctg gaa tgacaggaat ggcctcctcc cttagctccc tgttcttgga 452

Leu Lys Leu Glu

105

tctgccatgg agggatctgg tgcctccaga catgtgcaca tgaatccata tggagctttt 512

cctgatgttc cactccactt tgtatagaca tctgccctga ctgaatgtgt tctgtcactc 572

agctttgcit cggacacctc tgtttcctct tcccccttct cctcgtatgt gtgtttacct 632

aaactatatg ccataaacct caagttactc attttatttt gttttcattt tgggggtgaag 692

attcagtttc agtcttttgg atataggttt ccaattaagt acatgggtcaa gtattaacag 752

cacaagtggg aggttaacat tagaatagga attgggtgtg gggggggggg ttgcaagaat 812

attttatttt aattttttgg atgaaatttt tatctattat atattaaaca ttcttgctgc 872

tgcgctgcaa agccatagca gatttgaggc gctgttgagg actgaattac tctccaagtt 932

gagagatgtc tttgggttaa attaaaagcc ctacctaaaa ctgaggtggg gatggggaga 992

gcctttgcct ccaccattcc caccaccct ccccttaaac cctctgcctt tgaaagtaga 1052

tcatgttcac tgcaatgctg gacactacag gtatctgtcc ctgggccagc agggacctct 1112

gaagccttct ttgtggcctt tttttttttt tcatcctgtg gtttttctaa tggactttca 1172

ggaattttgt aatctcataa cttccaagc tccaccactt cctaaatctt aagaacttta 1232

attgacagtt tcaattgaag gtgctgtttg tagacttaac acccagtga agcccagcca 1292



tcatgacaaa tccttgaatg ttctcttaag aaaatgatgc tggatcatgc agcttcagca 1352

tctcctgttt ttgatgctt ggetccctct gctgatctca gtttcctggc ttttctccc 1412

tcagccccctt ctcacccctt tgctgtcctg tgtagtgatt tggtagagaaa tcgttgctgc 1472

acccttcccc cagcaccatt tatgagtctc aagttttatt attgcaataa aagtgcctta 1532

tgccggcttt tctc 1546

<210> 123

<211> 679

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 123

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala Thr Ala Ala Ser Gly

1 5 10 15

Pro Leu Val Asp Tyr Leu Trp Met Leu Ile Leu Gly Phe Ile Ile Ala

20 25 30

Phe Val Leu Ala Phe Ser Val Gly Ala Asn Asp Val Ala Asn Ser Phe

35 40 45

Gly Thr Ala Val Gly Ser Gly Val Val Thr Leu Lys Gln Ala Cys Ile

50 55 60

Leu Ala Ser Ile Phe Glu Thr Val Gly Ser Val Leu Leu Gly Ala Lys  
65 70 75 80

Val Ser Glu Thr Ile Arg Lys Gly Leu Ile Asp Val Glu Met Tyr Asn  
85 90 95

Ser Thr Gln Gly Leu Leu Met Ala Gly Ser Val Ser Ala Met Phe Gly  
100 105 110

Ser Ala Val Trp Gln Leu Val Ala Ser Phe Leu Lys Leu Pro Ile Ser  
115 120 125

Gly Thr His Cys Ile Val Gly Ala Thr Ile Gly Phe Ser Leu Val Ala  
130 135 140

Lys Gly Gln Glu Gly Val Lys Trp Ser Glu Leu Ile Lys Ile Val Met  
145 150 155 160

Ser Trp Phe Val Ser Pro Leu Leu Ser Gly Ile Met Ser Gly Ile Leu  
165 170 175

Phe Phe Leu Val Arg Ala Phe Ile Leu His Lys Ala Asp Pro Val Pro  
180 185 190

Asn Gly Leu Arg Ala Leu Pro Val Phe Tyr Ala Cys Thr Val Gly Ile  
195 200 205

Asn Leu Phe Ser Ile Met Tyr Thr Gly Ala Pro Leu Leu Gly Phe Asp  
210 215 220

Lys Leu Pro Leu Trp Gly Thr Ile Leu Ile Ser Val Gly Cys Ala Val  
225 230 235 240

Phe Cys Ala Leu Ile Val Trp Phe Phe Val Cys Pro Arg Met Lys Arg  
245 250 255

Lys Ile Glu Arg Glu Ile Lys Cys Ser Pro Ser Glu Ser Pro Leu Met  
260 265 270

Glu Lys Lys Asn Ser Leu Lys Glu Asp His Glu Glu Thr Lys Leu Ser  
275 280 285

Val Gly Asp Ile Glu Asn Lys His Pro Val Ser Glu Val Gly Pro Ala  
290 295 300

Thr Val Pro Leu Gln Ala Val Val Glu Glu Arg Thr Val Ser Phe Lys  
305 310 315 320

Leu Gly Asp Leu Glu Glu Ala Pro Glu Arg Glu Arg Leu Pro Ser Val  
325 330 335

Asp Leu Lys Glu Glu Thr Ser Ile Asp Ser Thr Val Asn Gly Ala Val  
340 345 350

Gln Leu Pro Asn Gly Asn Leu Val Gln Phe Ser Gln Ala Val Ser Asn  
355 360 365

Gln Ile Asn Ser Ser Gly His Tyr Gln Tyr His Thr Val His Lys Asp

370

375

380

Ser Gly Leu Tyr Lys Glu Leu Leu His Lys Leu His Leu Ala Lys Val

385

390

395

400

Gly Asp Cys Met Gly Asp Ser Gly Asp Lys Pro Leu Arg Arg Asn Asn

405

410

415

Ser Tyr Thr Ser Tyr Thr Met Ala Ile Cys Gly Met Pro Leu Asp Ser

420

425

430

Phe Arg Ala Lys Glu Gly Glu Gln Lys Gly Glu Glu Met Glu Lys Leu

435

440

445

Thr Trp Pro Asn Ala Asp Ser Lys Lys Arg Ile Arg Met Asp Ser Tyr

450

455

460

Thr Ser Tyr Cys Asn Ala Val Ser Asp Leu His Ser Ala Ser Glu Ile

465

470

475

480

Asp Met Ser Val Lys Ala Glu Met Gly Leu Gly Asp Arg Lys Gly Ser

485

490

495

Asn Gly Ser Leu Glu Glu Trp Tyr Asp Gln Asp Lys Pro Glu Val Ser

500

505

510

Leu Leu Phe Gln Phe Leu Gln Ile Leu Thr Ala Cys Phe Gly Ser Phe

515

520

525

Ala His Gly Gly Asn Asp Val Ser Asn Ala Ile Gly Pro Leu Val Ala  
530 535 540

Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Thr Gly Asp Val Ser Ser Lys Val Ala Thr  
545 550 555 560

Pro Ile Trp Leu Leu Leu Tyr Gly Gly Val Gly Ile Cys Val Gly Leu  
565 570 575

Trp Val Trp Gly Arg Arg Val Ile Gln Thr Met Gly Lys Asp Leu Thr  
580 585 590

Pro Ile Thr Pro Ser Ser Gly Phe Ser Ile Glu Leu Ala Ser Ala Leu  
595 600 605

Thr Val Val Ile Ala Ser Asn Ile Gly Leu Pro Ile Ser Thr Thr His  
610 615 620

Cys Lys Val Gly Ser Val Val Ser Val Gly Trp Leu Arg Ser Lys Lys  
625 630 635 640

Ala Val Asp Trp Arg Leu Phe Arg Asn Ile Phe Met Ala Trp Phe Val  
645 650 655

Thr Val Pro Ile Ser Gly Val Ile Ser Ala Ala Ile Met Ala Ile Phe  
660 665 670

Arg Tyr Val Ile Leu Arg Met  
675

<210> 124

<211> 2916

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81)..(2117)

<400> 124

tttttgatac ctcatatctt gtttacacat cttgaaaggc gctcagtagt tctcttacta 60

aacaaccact actccagaga atg gca acg ctg att acc agt act aca gct gct 113

Met Ala Thr Leu Ile Thr Ser Thr Thr Ala Ala

1

5

10

acc gcc gct tct ggt cct ttg gtg gac tac cta tgg atg ctc atc ctg 161

Thr Ala Ala Ser Gly Pro Leu Val Asp Tyr Leu Trp Met Leu Ile Leu

15

20

25

ggc ttc att att gca ttt gtc ttg gca ttc tcc gtg gga gcc aat gat 209

Gly Phe Ile Ile Ala Phe Val Leu Ala Phe Ser Val Gly Ala Asn Asp

30

35

40

gta gca aat tct ttt ggt aca gct gtg ggc tca ggt gta gtg acc ctg 257

Val Ala Asn Ser Phe Gly Thr Ala Val Gly Ser Gly Val Val Thr Leu

45

50

55

aag caa gcc tgc atc cta gct agc atc ttt gaa aca gtg ggc tct gtc 305  
 Lys Gln Ala Cys Ile Leu Ala Ser Ile Phe Glu Thr Val Gly Ser Val  
 60 65 70 75

tta ctg ggg gcc aaa gtg agc gaa acc atc cgg aag ggc ttg att gac 353  
 Leu Leu Gly Ala Lys Val Ser Glu Thr Ile Arg Lys Gly Leu Ile Asp  
 80 85 90

gtg gag atg tac aac tcg act caa ggg ctg ctg atg gcc ggc tca gtc 401  
 Val Glu Met Tyr Asn Ser Thr Gln Gly Leu Leu Met Ala Gly Ser Val  
 95 100 105

agt gct atg ttt ggt tct gct gtg tgg caa ctc gtg gct tcg ttt ttg 449  
 Ser Ala Met Phe Gly Ser Ala Val Trp Gln Leu Val Ala Ser Phe Leu  
 110 115 120

aag ctc cct att tct gga acc cat tgt att gtt ggt gca act att ggt 497  
 Lys Leu Pro Ile Ser Gly Thr His Cys Ile Val Gly Ala Thr Ile Gly  
 125 130 135

ttc tcc ctc gtg gca aag ggg cag gag ggt gtc aag tgg tct gaa ctg 545  
 Phe Ser Leu Val Ala Lys Gly Gln Glu Gly Val Lys Trp Ser Glu Leu  
 140 145 150 155

ata aaa att gtg atg tct tgg ttc gtg tcc cca ctg ctt tct gga att 593  
 Ile Lys Ile Val Met Ser Trp Phe Val Ser Pro Leu Leu Ser Gly Ile  
 160 165 170

atg tct gga att tta ttc ttc ctg gtt cgt gca ttc atc ctc cat aag 641

Met Ser Gly Ile Leu Phe Phe Leu Val Arg Ala Phe Ile Leu His Lys

175

180

185

gca gat cca gtt cct aat ggt ttg cga gct ttg cca gtt ttc tat gcc 689

Ala Asp Pro Val Pro Asn Gly Leu Arg Ala Leu Pro Val Phe Tyr Ala

190

195

200

tgc aca gtt gga ata aac ctc ttt tcc atc atg tat act gga gca ccg 737

Cys Thr Val Gly Ile Asn Leu Phe Ser Ile Met Tyr Thr Gly Ala Pro

205

210

215

ttg ctg ggc ttt gac aaa ctt cct ctg tgg ggt acc atc ctc atc tcg 785

Leu Leu Gly Phe Asp Lys Leu Pro Leu Trp Gly Thr Ile Leu Ile Ser

220

225

230

235

gtg gga tgt gca gtt ttc tgt gcc ctt atc gtc tgg ttc ttt gta tgt 833

Val Gly Cys Ala Val Phe Cys Ala Leu Ile Val Trp Phe Phe Val Cys

240

245

250

ccc agg atg aag aga aaa att gaa cga gaa ata aag tgt agt cct tct 881

Pro Arg Met Lys Arg Lys Ile Glu Arg Glu Ile Lys Cys Ser Pro Ser

255

260

265

gaa agc ccc tta atg gaa aaa aag aat agc ttg aaa gaa gac cat gaa 929

Glu Ser Pro Leu Met Glu Lys Lys Asn Ser Leu Lys Glu Asp His Glu

270

275

280

gaa aca aag ttg tct gtt ggt gat att gaa aac aag cat cct gtt tct 977



Glu Thr Lys Leu Ser Val Gly Asp Ile Glu Asn Lys His Pro Val Ser  
285 290 295

gag gta ggg cct gcc act gtg ccc ctc cag gct gtg gtg gag gag aga 1025  
Glu Val Gly Pro Ala Thr Val Pro Leu Gln Ala Val Val Glu Glu Arg  
300 305 310 315

aca gtc tca ttc aaa ctt gga gat ttg gag gaa gct cca gag aga gag 1073  
Thr Val Ser Phe Lys Leu Gly Asp Leu Glu Glu Ala Pro Glu Arg Glu  
320 325 330

agg ctt ccc agc gtg gac ttg aaa gag gaa acc agc ata gat agc acc 1121  
Arg Leu Pro Ser Val Asp Leu Lys Glu Glu Thr Ser Ile Asp Ser Thr  
335 340 345

gtg aat ggt gca gtg cag ttg cct aat ggg aac ctt gtc cag ttc agt 1169  
Val Asn Gly Ala Val Gln Leu Pro Asn Gly Asn Leu Val Gln Phe Ser  
350 355 360

caa gcc gtc agc aac caa ata aac tcc agt ggc cac tac cag tat cac 1217  
Gln Ala Val Ser Asn Gln Ile Asn Ser Ser Gly His Tyr Gln Tyr His  
365 370 375

acc gtg cat aag gat tcc ggc ctg tac aaa gag cta ctc cat aaa tta 1265  
Thr Val His Lys Asp Ser Gly Leu Tyr Lys Glu Leu Leu His Lys Leu  
380 385 390 395

cat ctt gcc aag gtg gga gat tgc atg gga gac tcc ggt gac aaa ccc 1313  
His Leu Ala Lys Val Gly Asp Cys Met Gly Asp Ser Gly Asp Lys Pro

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 400   | 405 | 410 |      |
| tta agg cgc aat aat agc tat act tcc tat acc atg gca ata tgt ggc |     |     | 1361 |
| Leu Arg Arg Asn Asn Ser Tyr Thr Ser Tyr Thr Met Ala Ile Cys Gly |     |     |      |
| 415   | 420 | 425 |      |
| atg cct ctg gat tca ttc cgt gcc aaa gaa ggt gaa cag aag ggc gaa |     |     | 1409 |
| Met Pro Leu Asp Ser Phe Arg Ala Lys Glu Gly Glu Gln Lys Gly Glu |     |     |      |
| 430   | 435 | 440 |      |
| gaa atg gag aag ctg aca tgg cct aat gca gac tcc aag aag cga att |     |     | 1457 |
| Glu Met Glu Lys Leu Thr Trp Pro Asn Ala Asp Ser Lys Lys Arg Ile |     |     |      |
| 445   | 450 | 455 |      |
| cga atg gac agt tac acc agt tac tgc aat gct gtg tct gac ctt cac |     |     | 1505 |
| Arg Met Asp Ser Tyr Thr Ser Tyr Cys Asn Ala Val Ser Asp Leu His |     |     |      |
| 460   | 465 | 470 | 475  |
| tca gca tct gag ata gac atg agt gtc aag gca gag atg ggt cta ggt |     |     | 1553 |
| Ser Ala Ser Glu Ile Asp Met Ser Val Lys Ala Glu Met Gly Leu Gly |     |     |      |
| 480   | 485 | 490 |      |
| gac aga aaa gga agt aat ggc tct cta gaa gaa tgg tat gac cag gat |     |     | 1601 |
| Asp Arg Lys Gly Ser Asn Gly Ser Leu Glu Glu Trp Tyr Asp Gln Asp |     |     |      |
| 495   | 500 | 505 |      |
| aag cct gaa gtc tct ctc ctc ttc cag ttc ctg cag atc ctt aca gcc |     |     | 1649 |
| Lys Pro Glu Val Ser Leu Leu Phe Gln Phe Leu Gln Ile Leu Thr Ala |     |     |      |
| 510   | 515 | 520 |      |

tgc ttt ggg tca ttc gcc cat ggt ggc aat gac gta agc aat gcc att 1697

Cys Phe Gly Ser Phe Ala His Gly Gly Asn Asp Val Ser Asn Ala Ile

525

530

535

ggg cct ctg gtt gct tta tat ttg gtt tat gac aca gga gat gtt tct 1745

Gly Pro Leu Val Ala Leu Tyr Leu Val Tyr Asp Thr Gly Asp Val Ser

540

545

550

555

tca aaa gtg gca aca cca ata tgg ctt cta ctc tat ggt ggt gtt ggt 1793

Ser Lys Val Ala Thr Pro Ile Trp Leu Leu Leu Tyr Gly Gly Val Gly

560

565

570

atc tgt gtt ggt ctg tgg gtt tgg gga aga aga gtt atc cag acc atg 1841

Ile Cys Val Gly Leu Trp Val Trp Gly Arg Arg Val Ile Gln Thr Met

575

580

585

ggg aag gat ctg aca ccg atc aca ccc tct agt ggc ttc agt att gaa 1889

Gly Lys Asp Leu Thr Pro Ile Thr Pro Ser Ser Gly Phe Ser Ile Glu

590

595

600

ctg gca tct gcc ctc act gtg gtg att gca tca aat att ggc ctt ccc 1937

Leu Ala Ser Ala Leu Thr Val Val Ile Ala Ser Asn Ile Gly Leu Pro

605

610

615

atc agt aca aca cat tgt aaa gtg ggc tct gtt gtg tct gtt ggc tgg 1985

Ile Ser Thr Thr His Cys Lys Val Gly Ser Val Val Ser Val Gly Trp

620

625

630

635

ctc cgg tcc aag aag gct gtt gac tgg cgt ctc ttt cgt aac att ttt 2033  
Leu Arg Ser Lys Lys Ala Val Asp Trp Arg Leu Phe Arg Asn Ile Phe

640

645

650

atg gcc tgg ttt gtc aca gtc cct att tct gga gtt atc agt gct gcc 2081  
Met Ala Trp Phe Val Thr Val Pro Ile Ser Gly Val Ile Ser Ala Ala

655

660

665

atc atg gca atc ttc aga tat gtc atc ctc aga atg tgaagctgtt 2127  
Ile Met Ala Ile Phe Arg Tyr Val Ile Leu Arg Met

670

675

tgagattaaa atttgtgtca atgtttggga ccatcttagg tattcctgct cccctgaaga 2187

atgattacag tgtaacaga agactgacaa gagtcttttt atttgggagc cagaggaggg 2247

aagtgttact tgtgctataa ctgcttttgt gctaaatatg aattgtctca aaattagctg 2307

tgtaaaatag cccgggttcc actggctcct gctgagggtcc cctttccttc tgggctgtga 2367

attcctgtac atatttctct actttttgta tcaggcttca attccattat gttttaatgt 2427

tgtctctgaa gatgacttgt gatttttttt tctttttttt aaaccatgaa gagccgtttg 2487

acagagcatg ctctgcgttg ttggtttcac cagcttctgc cctcacatgc acagggattt 2547

aacaacaaaa atataactac aacttccttt gtagtctctt atataagtag agtccttggt 2607

actctgccct cctgtcagta gtggcaggat ctattggcat attcgggagc ttcttagagg 2667

gatgaggttc tttgaacaca gtgaaaattt aaattagtaa cttttttgca agcagtttat 2727

tgactgttat tgctaagaag aagtaagaaa gaaaaagcct gttggcaatc ttggttattt 2787

ctttaagatt tctggcagtg tgggatggat gaatgaagtg gaatgtgaac tttgggcaag 2847

ttaaattggga cagccttcca tggtcatttg tctacctctt aactgaataa aaaagcctac 2907

agtttttag 2916

<210> 125

<211> 288

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 125

Met Glu Arg Pro Gln Pro Asp Ser Met Pro Gln Asp Leu Ser Glu Ala

1 5 10 15

Leu Lys Glu Ala Thr Lys Glu Val His Thr Gln Ala Glu Asn Ala Glu

20 25 30

Phe Met Arg Asn Phe Gln Lys Gly Gln Val Thr Arg Asp Gly Phe Lys

35 40 45

Leu Val Met Ala Ser Leu Tyr His Ile Tyr Val Ala Leu Glu Glu Glu

50 55 60

Ile Glu Arg Asn Lys Glu Ser Pro Val Phe Ala Pro Val Tyr Phe Pro  
65 70 75 80

Glu Glu Leu His Arg Lys Ala Ala Leu Glu Gln Asp Leu Ala Phe Trp  
85 90 95

Tyr Gly Pro Arg Trp Gln Glu Val Ile Pro Tyr Thr Pro Ala Met Gln  
100 105 110

Arg Tyr Val Lys Arg Leu His Glu Val Gly Arg Thr Glu Pro Glu Leu  
115 120 125

Leu Val Ala His Ala Tyr Thr Arg Tyr Leu Gly Asp Leu Ser Gly Gly  
130 135 140

Gln Val Leu Lys Lys Ile Ala Gln Lys Ala Leu Asp Leu Pro Ser Ser  
145 150 155 160

Gly Glu Gly Leu Ala Phe Phe Thr Phe Pro Asn Ile Ala Ser Ala Thr  
165 170 175

Lys Phe Lys Gln Leu Tyr Arg Ser Arg Met Asn Ser Leu Glu Met Thr  
180 185 190

Pro Ala Val Arg Gln Arg Val Ile Glu Glu Ala Lys Thr Ala Phe Leu  
195 200 205

Leu Asn Ile Gln Leu Phe Glu Glu Leu Gln Glu Leu Leu Thr His Asp

210

215

220

Thr Lys Asp Gln Ser Pro Ser Arg Ala Pro Gly Leu Arg Gln Arg Ala

225

230

235

240

Ser Asn Lys Val Gln Asp Ser Ala Pro Val Glu Thr Pro Arg Gly Lys

245

250

255

Pro Pro Leu Asn Thr Arg Ser Gln Ala Pro Leu Leu Arg Trp Val Leu

260

265

270

Thr Leu Ser Phe Leu Val Ala Thr Val Ala Val Gly Leu Tyr Ala Met

275

280

285

<210> 126

<211> 1550

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (81)..(944)

<400> 126

tcaacgcctg cctcccctcg agcgtcctca gcgcagccgc cgcccgcgga gccagcacga 60

acgagcccag caccggccgg atg gag cgt ccg caa ccc gac agc atg ccc cag 113

Met Glu Arg Pro Gln Pro Asp Ser Met Pro Gln

1

5

10

gat ttg tca gag gcc ctg aag gag gcc acc aag gag gtg cac acc cag 161

Asp Leu Ser Glu Ala Leu Lys Glu Ala Thr Lys Glu Val His Thr Gln

15

20

25

gca gag aat gct gag ttc atg agg aac ttt cag aag ggc cag gtg acc 209

Ala Glu Asn Ala Glu Phe Met Arg Asn Phe Gln Lys Gly Gln Val Thr

30

35

40

cga gac ggc ttc aag ctg gtg atg gcc tcc ctg tac cac atc tat gtg 257

Arg Asp Gly Phe Lys Leu Val Met Ala Ser Leu Tyr His Ile Tyr Val

45

50

55

gcc ctg gag gag gag att gag cgc aac aag gag agc cca gtc ttc gcc 305

Ala Leu Glu Glu Glu Ile Glu Arg Asn Lys Glu Ser Pro Val Phe Ala

60

65

70

75

cct gtc tac ttc cca gaa gag ctg cac cgc aag gct gcc ctg gag cag 353

Pro Val Tyr Phe Pro Glu Glu Leu His Arg Lys Ala Ala Leu Glu Gln

80

85

90

gac ctg gcc ttc tgg tac ggg ccc cgc tgg cag gag gtc atc ccc tac 401

Asp Leu Ala Phe Trp Tyr Gly Pro Arg Trp Gln Glu Val Ile Pro Tyr

95

100

105

aca cca gcc atg cag cgc tat gtg aag cgg ctc cac gag gtg ggg cgc 449

Thr Pro Ala Met Gln Arg Tyr Val Lys Arg Leu His Glu Val Gly Arg

110

115

120



aca gag ccc gag ctg ctg gtg gcc cac gcc tac acc cgc tac ctg ggt 497

Thr Glu Pro Glu Leu Leu Val Ala His Ala Tyr Thr Arg Tyr Leu Gly

125

130

135

gac ctg tct ggg ggc cag gtg ctc aaa aag att gcc cag aaa gcc ctg 545

Asp Leu Ser Gly Gly Gln Val Leu Lys Lys Ile Ala Gln Lys Ala Leu

140

145

150

155

gac ctg ccc agc tct ggc gag ggc ctg gcc ttc ttc acc ttc ccc aac 593

Asp Leu Pro Ser Ser Gly Glu Gly Leu Ala Phe Phe Thr Phe Pro Asn

160

165

170

att gcc agt gcc acc aag ttc aag cag ctc tac cgc tcc cgc atg aac 641

Ile Ala Ser Ala Thr Lys Phe Lys Gln Leu Tyr Arg Ser Arg Met Asn

175

180

185

tcc ctg gag atg act ccc gca gtc agg cag agg gtg ata gaa gag gcc 689

Ser Leu Glu Met Thr Pro Ala Val Arg Gln Arg Val Ile Glu Glu Ala

190

195

200

aag act gcg ttc ctg ctc aac atc cag ctc ttt gag gag ttg cag gag 737

Lys Thr Ala Phe Leu Leu Asn Ile Gln Leu Phe Glu Glu Leu Gln Glu

205

210

215

ctg ctg acc cat gac acc aag gac cag agc ccc tca cgg gca cca ggg 785

Leu Leu Thr His Asp Thr Lys Asp Gln Ser Pro Ser Arg Ala Pro Gly

220

225

230

235

ctt cgc cag cgg gcc agc aac aaa gtg caa gat tct gcc ccc gtg gag 833  
Leu Arg Gln Arg Ala Ser Asn Lys Val Gln Asp Ser Ala Pro Val Glu

240 245 250

act ccc aga ggg aag ccc cca ctc aac acc cgc tcc cag gct ccg ctt 881  
Thr Pro Arg Gly Lys Pro Pro Leu Asn Thr Arg Ser Gln Ala Pro Leu

255 260 265

ctc cga tgg gtc ctt aca ctc agc ttt ctg gtg gcg aca gtt gct gta 929  
Leu Arg Trp Val Leu Thr Leu Ser Phe Leu Val Ala Thr Val Ala Val

270 275 280

ggg ctt tat gcc atg tgaatgcagg catgctggct cccaggcca tgaactttgt 984  
Gly Leu Tyr Ala Met

285

ccggtggaag gccttctttc tagagaggga attctcttgg ctggcttctt taccgtgggc 1044

actgaaggct ttcagggcct ccagccctct cactgtgtcc ctctctctgg aaaggaggaa 1104

ggagcctatg gcattctccc caacgaaaag cacatccagg caatggccta aacttcagag 1164

ggggcgaagg ggtcagccct gcccttcagc atcctcagtt cctgcagcag agcctggaag 1224

acaccctaata gtggcagctg tctcaaacct ccaaaagccc tgagtttcaa gtatccttgt 1284

tgacacggcc atgaccactt tccccgtggg ccatggcaat ttttacacaa acctgaaaag 1344

atgttgtgtc ttgtgttttt gtcttatttt tgttggagcc actctgttcc tggctcagcc 1404

tcaaatgcag tatttttgtt gtgttctgtt gtttttatag cagggttggg gtggttttg 1464

agccatgcgt ggggtggggag ggaggtgttt aacggcactg tggccttggt ctaacttttg 1524

tgtgaaataa taaacaacat tgtctg 1550

<210> 127

<211> 135

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 127

Met Ala Cys Gly Leu Val Ala Ser Asn Leu Asn Leu Lys Pro Gly Glu

1 5 10 15

Cys Leu Arg Val Arg Gly Glu Val Ala Pro Asp Ala Lys Ser Phe Val

20 25 30

Leu Asn Leu Gly Lys Asp Ser Asn Asn Leu Cys Leu His Phe Asn Pro

35 40 45

Arg Phe Asn Ala His Gly Asp Ala Asn Thr Ile Val Cys Asn Ser Lys

50 55 60

Asp Gly Gly Ala Trp Gly Thr Glu Gln Arg Glu Ala Val Phe Pro Phe

65 70 75 80

Gln Pro Gly Ser Val Ala Glu Val Cys Ile Thr Phe Asp Gln Ala Asn

85

90

95

Leu Thr Val Lys Leu Pro Asp Gly Tyr Glu Phe Lys Phe Pro Asn Arg

100

105

110

Leu Asn Leu Glu Ala Ile Asn Tyr Met Ala Ala Asp Gly Asp Phe Lys

115

120

125

Ile Lys Cys Val Ala Phe Asp

130

135

<210> 128

<211> 507

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (50)..(454)

<400> 128

cttctgacag ctggtgcgcc tgcccgggaa catcctcctg gactcaatc atg gct tgt 58

Met Ala Cys

1

ggt ctg gtc gcc agc aac ctg aat ctc aaa cct gga gag tgc ctt cga 106

Gly Leu Val Ala Ser Asn Leu Asn Leu Lys Pro Gly Glu Cys Leu Arg

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 5   | 10  | 15  |     |
| gtg cga ggc gag gtg gct cct gac gct aag agc ttc gtg ctg aac ctg | 154 |     |     |
| Val Arg Gly Glu Val Ala Pro Asp Ala Lys Ser Phe Val Leu Asn Leu |     |     |     |
| 20  | 25  | 30  | 35  |
| ggc aaa gac agc aac aac ctg tgc ctg cac ttc aac cct cgc ttc aac | 202 |     |     |
| Gly Lys Asp Ser Asn Asn Leu Cys Leu His Phe Asn Pro Arg Phe Asn |     |     |     |
| 40  | 45  | 50  |     |
| gcc cac ggc gac gcc aac acc atc gtg tgc aac agc aag gac ggc ggg | 250 |     |     |
| Ala His Gly Asp Ala Asn Thr Ile Val Cys Asn Ser Lys Asp Gly Gly |     |     |     |
| 55  | 60  | 65  |     |
| gcc tgg ggg acc gag cag cgg gag gct gtc ttt ccc ttc cag cct gga | 298 |     |     |
| Ala Trp Gly Thr Glu Gln Arg Glu Ala Val Phe Pro Phe Gln Pro Gly |     |     |     |
| 70  | 75  | 80  |     |
| agt gtt gca gag gtg tgc atc acc ttc gac cag gcc aac ctg acc gtc | 346 |     |     |
| Ser Val Ala Glu Val Cys Ile Thr Phe Asp Gln Ala Asn Leu Thr Val |     |     |     |
| 85  | 90  | 95  |     |
| aag ctg cca gat gga tac gaa ttc aag ttc ccc aac cgc ctc aac ctg | 394 |     |     |
| Lys Leu Pro Asp Gly Tyr Glu Phe Lys Phe Pro Asn Arg Leu Asn Leu |     |     |     |
| 100   | 105 | 110 | 115 |
| gag gcc atc aac tac atg gca gct gac ggt gac ttc aag atc aaa tgt | 442 |     |     |
| Glu Ala Ile Asn Tyr Met Ala Ala Asp Gly Asp Phe Lys Ile Lys Cys |     |     |     |
| 120   | 125 | 130 |     |

gtg gcc ttt gac tgaaatcagc cagcccatgg cccccaataa aggcagctgc 494

Val Ala Phe Asp

135

ctctgctccc ctg 507

<210> 129

<211> 662

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 129

Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile Phe Asn

1

5

10

15

Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val Asn Asn

20

25

30

Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val Cys Asp

35

40

45

Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu Ser Lys

50

55

60

Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro Gly Ser

65

70

75

80

Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro His Tyr  
85 90 95

Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys Lys Leu  
100 105 110

Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr Trp Cys  
115 120 125

His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val Glu Ile  
130 135 140

Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp Glu Leu  
145 150 155 160

Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp Gln Pro  
165 170 175

Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn Tyr Arg  
180 185 190

Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu Leu Thr  
195 200 205

Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu Asp Leu  
210 215 220

Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu Leu Leu  
225 230 235 240

Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly Tyr Glu  
245 250 255

Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn Pro Tyr  
260 265 270

Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu Met Gln  
275 280 285

Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys Arg Lys  
290 295 300

Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu Lys Val  
305 310 315 320

Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala Glu Ala  
325 330 335

Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met Lys Phe  
340 345 350

Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu Leu Asp  
355 360 365

Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly Lys Gln  
370 375 380

Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu Thr Asp



|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 385   | 390 | 395 | 400 |
| Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg Asn Leu |     |     |     |
|   | 405 | 410 | 415 |
| Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu Lys Phe |     |     |     |
|   | 420 | 425 | 430 |
| Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe Ser Asn |     |     |     |
|   | 435 | 440 | 445 |
| Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu Ile Ile |     |     |     |
|   | 450 | 455 | 460 |
| Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp Ile Asp |     |     |     |
| 465   | 470 | 475 | 480 |
| Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser Tyr Leu |     |     |     |
|   | 485 | 490 | 495 |
| Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu Ser Ser |     |     |     |
|   | 500 | 505 | 510 |
| Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu Ser Tyr |     |     |     |
|   | 515 | 520 | 525 |
| Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu Val Asn |     |     |     |
| 530   | 535 | 540 |     |

Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly Leu Gly  
545 550 555 560

Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro Tyr Gln  
565 570 575

Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser Leu Gln  
580 585 590

Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro Ser Asn  
595 600 605

Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp Ala Phe  
610 615 620

Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg Ser Asn  
625 630 635 640

Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser Asp Arg  
645 650 655

Leu Arg Ile Ser Glu Lys  
660

<210> 130

<211> 2251

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (74)..(2059)

<400> 130

```

cttggctgga cagtttgtga aactgtgttg ccgggcaact ggacatcctt ttgttcaata 60

tcagtggttc aaa atg aat aaa gag att cca aat gga aat aca tca gag      109
      Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu
            1             5             10

ctt att ttt aat gca gtg cat gta aaa gat gca ggc ttt tat gtc tgt      157
Leu Ile Phe Asn Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys
            15             20             25

cga gtt aat aac aat ttc acc ttt gaa ttc agc cag tgg tca cag ctg      205
Arg Val Asn Asn Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu
            30             35             40

gat gtt tgc gac atc cca gag agc ttc cag aga agt gtt gat ggc gtc      253
Asp Val Cys Asp Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val
            45             50             55             60

tct gaa tcc aag ttg caa atc tgt gtt gaa cca act tcc caa aag ctg      301
Ser Glu Ser Lys Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu
            65             70             75

atg cca ggc agc aca ttg gtt tta cag tgt gtt gct gtt gga agc cct      349

```

Met Pro Gly Ser Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro

80

85

90

att cct cac tac cag tgg ttc aaa aat gaa tta cca tta aca cat gag 397

Ile Pro His Tyr Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu

95

100

105

acc aaa aag cta tac atg gtg cct tat gtg gat ttg gaa cac caa gga 445

Thr Lys Lys Leu Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly

110

115

120

acc tac tgg tgt cat gta tat aat gat cga gac agt caa gat agc aag 493

Thr Tyr Trp Cys His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys

125

130

135

140

aag gta gaa atc atc ata gga aga aca gat gag gca gtg gag tgc act 541

Lys Val Glu Ile Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr

145

150

155

gaa gat gaa tta aat aat ctt ggt cat cct gat aat aaa gag caa aca 589

Glu Asp Glu Leu Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr

160

165

170

act gac cag cct ttg gcg aag gac aag gtt gcc ctt ttg ata gga aat 637

Thr Asp Gln Pro Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn

175

180

185

atg aat tac cgg gag cac ccc aag ctc aaa gct cct ttg gtg gat gtg 685

Met Asn Tyr Arg Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val

|   |      |     |     |
|---|------|-----|-----|
| 190   | 195  | 200 |     |
| tac gaa ttg act aac tta ctg aga cag ctg gac ttc aaa gtg gtt tca | 733  |     |     |
| Tyr Glu Leu Thr Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser |      |     |     |
| 205   | 210  | 215 | 220 |
| ctg ttg gat ctt act gaa tat gag atg cgt aat gct gtg gat gag ttt | 781  |     |     |
| Leu Leu Asp Leu Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe |      |     |     |
|   | 225  | 230 | 235 |
| tta ctc ctt tta gac aag gga gta tat ggg tta tta tat tat gca gga | 829  |     |     |
| Leu Leu Leu Leu Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly |      |     |     |
|   | 240  | 245 | 250 |
| cat ggt tat gaa aat ttt ggg aac agc ttc atg gtc ccc gtt gat gct | 877  |     |     |
| His Gly Tyr Glu Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala |      |     |     |
|   | 255  | 260 | 265 |
| cca aat cca tat agg tct gaa aat tgt ctg tgt gta caa aat ata ctg | 925  |     |     |
| Pro Asn Pro Tyr Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu |      |     |     |
|   | 270  | 275 | 280 |
| aaa ttg atg caa gaa aaa gaa act gga ctt aat gtg ttc tta ttg gat | 973  |     |     |
| Lys Leu Met Gln Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp |      |     |     |
|   | 285  | 290 | 295 |
| atg tgt agg aaa aga aat gac tac gat gat acc att cca atc ttg gat | 1021 |     |     |
| Met Cys Arg Lys Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp |      |     |     |
|   | 305  | 310 | 315 |

gca cta aaa gtc acc gcc aat att gtg ttt gga tat gcc acg tgt caa 1069

Ala Leu Lys Val Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln

320

325

330

gga gca gaa gct ttt gaa atc cag cat tct gga ttg gca aat gga atc 1117

Gly Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile

335

340

345

ttt atg aaa ttt tta aaa gac aga tta tta gaa gat aag aaa atc act 1165

Phe Met Lys Phe Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr

350

355

360

gtg tta ctg gat gaa gtt gca gaa gat atg ggt aag tgt cac ctt acc 1213

Val Leu Leu Asp Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr

365

370

375

380

aaa ggc aaa cag gct cta gag att cga agt agt tta tct gag aag aga 1261

Lys Gly Lys Gln Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg

385

390

395

gca ctt act gat cca ata cag gga aca gaa tat tct gct gaa tct ctt 1309

Ala Leu Thr Asp Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu

400

405

410

gtg cgg aat cta cag tgg gcc aag gct cat gaa ctt cca gaa agt atg 1357

Val Arg Asn Leu Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met

415

420

425

tgt ctt aag ttt gac tgt ggt gtt cag att caa tta gga ttt gca gct 1405  
Cys Leu Lys Phe Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala  
430 435 440

gag ttt tcc aat gtc atg atc atc tat aca agt ata gtt tac aaa cca 1453  
Glu Phe Ser Asn Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro  
445 450 455 460

ccg gag ata ata atg tgt gat gcc tac gtt act gat ttt cca ctt gat 1501  
Pro Glu Ile Ile Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp  
465 470 475

cta gat att gat cca aaa gat gca aat aaa ggc aca cct gaa gaa act 1549  
Leu Asp Ile Asp Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr  
480 485 490

ggc agc tac ttg gta tca aag gat ctt ccc aag cat tgc ctc tat acc 1597  
Gly Ser Tyr Leu Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr  
495 500 505

aga ctc agt tca ctg caa aaa tta aag gaa cat cta gtc ttc aca gta 1645  
Arg Leu Ser Ser Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val  
510 515 520

tgt tta tca tat cag tac tca gga ttg gaa gat act gta gag gac aag 1693  
Cys Leu Ser Tyr Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys  
525 530 535 540

cag gaa gtg aat gtt ggg aaa cct ctc att gct aaa tta gac atg cat 1741

Gln Glu Val Asn Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His  
545 550 555

cga ggt ttg gga agg aag act tgc ttt caa act tgt ctt atg tct aat 1789  
Arg Gly Leu Gly Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn  
560 565 570

ggt cct tac cag agt tct gca gcc acc tca gga gga gca ggg cat tat 1837  
Gly Pro Tyr Gln Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr  
575 580 585

cac tca ttg caa gac cca ttc cat ggt gtt tac cat tca cat cct ggt 1885  
His Ser Leu Gln Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly  
590 595 600

aat cca agt aat gtt aca cca gca gat agc tgt cat tgc agc cgg act 1933  
Asn Pro Ser Asn Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr  
605 610 615 620

cca gat gca ttt att tca agt ttc gct cac cat gct tca tgt cat ttt 1981  
Pro Asp Ala Phe Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe  
625 630 635

agt aga agt aat gtg cca gta gag aca act gat gaa ata cca ttt agt 2029  
Ser Arg Ser Asn Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser  
640 645 650

ttc tct gac agg ctc aga att tct gaa aaa tgacctcctt gtttttgaaa 2079  
Phe Ser Asp Arg Leu Arg Ile Ser Glu Lys



655

660

g t t a g c a t a a t t t t a g a t g c c t g t g a a a t a g t a c t g c a c t t a c a t a a a g t g a g a c a t t g t 2139

g a a a a g g c a a a t t t g t a t a t g t a g a g a a a g a a t a g t a g t a a c t g t t t c a t a g c a a a c t t c 2199

a g g a c t t t g a g a t g t t g a a a t t a c a t t a t t t a a t t a c a g a c t t c c t c t t t c t 2251

<210> 131

<211> 824

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 131

Met Ser Leu Leu Gly Asp Pro Leu Gln Ala Leu Pro Pro Ser Ala Ala

1

5

10

15

Pro Thr Gly Pro Leu Leu Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Leu Asn Arg

20

25

30

Leu Arg Glu Pro Leu Leu Arg Arg Leu Ser Glu Leu Leu Asp Gln Ala

35

40

45

Pro Glu Gly Arg Gly Trp Arg Arg Leu Ala Glu Leu Ala Gly Ser Arg

50

55

60

Gly Arg Leu Arg Leu Ser Cys Leu Asp Leu Glu Gln Cys Ser Leu Lys

65

70

75

80

Val Leu Glu Pro Glu Gly Ser Pro Ser Leu Cys Leu Leu Lys Leu Met

85

90

95

Gly Glu Lys Gly Cys Thr Val Thr Glu Leu Ser Asp Phe Leu Gln Ala

100

105

110

Met Glu His Thr Glu Val Leu Gln Leu Leu Ser Pro Pro Gly Ile Lys

115

120

125

Ile Thr Val Asn Pro Glu Ser Lys Ala Val Leu Ala Gly Gln Phe Val

130

135

140

Lys Leu Cys Cys Arg Ala Thr Gly His Pro Phe Val Gln Tyr Gln Trp

145

150

155

160

Phe Lys Met Asn Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile

165

170

175

Phe Asn Ala Val His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val

180

185

190

Asn Asn Asn Phe Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val

195

200

205

Cys Asp Ile Pro Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu

210

215

220

Ser Lys Leu Gln Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro

|   |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|
| 225   | 230 | 235 | 240 |
| Gly Ser Thr Leu Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro |     |     |     |
| 245   | 250 | 255 |     |
| His Tyr Gln Trp Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys |     |     |     |
| 260   | 265 | 270 |     |
| Lys Leu Tyr Met Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr |     |     |     |
| 275   | 280 | 285 |     |
| Trp Cys His Val Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val |     |     |     |
| 290   | 295 | 300 |     |
| Glu Ile Ile Ile Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp |     |     |     |
| 305   | 310 | 315 | 320 |
| Glu Leu Asn Asn Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp |     |     |     |
| 325   | 330 | 335 |     |
| Gln Pro Leu Ala Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn |     |     |     |
| 340   | 345 | 350 |     |
| Tyr Arg Glu His Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu |     |     |     |
| 355   | 360 | 365 |     |
| Leu Thr Asn Leu Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu |     |     |     |
| 370   | 375 | 380 |     |

Asp Leu Thr Glu Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu  
385 390 395 400

Leu Leu Asp Lys Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly  
405 410 415

Tyr Glu Asn Phe Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn  
420 425 430

Pro Tyr Arg Ser Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu  
435 440 445

Met Gln Glu Lys Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys  
450 455 460

Arg Lys Arg Asn Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu  
465 470 475 480

Lys Val Thr Ala Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala  
485 490 495

Glu Ala Phe Glu Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met  
500 505 510

Lys Phe Leu Lys Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu  
515 520 525

Leu Asp Glu Val Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly  
530 535 540

Lys Gln Ala Leu Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu  
545 550 555 560

Thr Asp Pro Ile Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg  
565 570 575

Asn Leu Gln Trp Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu  
580 585 590

Lys Phe Asp Cys Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe  
595 600 605

Ser Asn Val Met Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu  
610 615 620

Ile Ile Met Cys Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp  
625 630 635 640

Ile Asp Pro Lys Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser  
645 650 655

Tyr Leu Val Ser Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu  
660 665 670

Ser Ser Leu Gln Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu  
675 680 685

Ser Tyr Gln Tyr Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu

690

695

700

Val Asn Val Gly Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly

705

710

715

720

Leu Gly Arg Lys Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro

725

730

735

Tyr Gln Ser Ser Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser

740

745

750

Leu Gln Asp Pro Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro

755

760

765

Ser Asn Val Thr Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp

770

775

780

Ala Phe Ile Ser Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg

785

790

795

800

Ser Asn Val Pro Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser

805

810

815

Asp Arg Leu Arg Ile Ser Glu Lys

820

<210> 132

<211> 2828

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (165)..(2636)

<400> 132

ggggcgggga gcggacttcc tcctctgagg gccgtgccgc gctgccagat ttgttcttcc 60

gcccctgcct ccgcggctcg gaggcgagcg gaaggtgccc cggggccgag gcccgtagcg 120

gggcgggcgg gagccccggc agtccggggt cgccggcgag ggcc atg tcg ctg ttg 176

Met Ser Leu Leu

1

ggg gac ccg cta cag gcc ctg ccg ccc tcg gcc gcc ccc acg ggg ccg 224

Gly Asp Pro Leu Gln Ala Leu Pro Pro Ser Ala Ala Pro Thr Gly Pro

5

10

15

20

ctg ctc gcc cct ccg gcc ggc gcg acc ctc aac cgc ctg cgg gag ccg 272

Leu Leu Ala Pro Pro Ala Gly Ala Thr Leu Asn Arg Leu Arg Glu Pro

25

30

35

ctg ctg cgg agg ctc agc gag ctc ctg gat cag gcg ccc gag ggc ccg 320

Leu Leu Arg Arg Leu Ser Glu Leu Leu Asp Gln Ala Pro Glu Gly Arg

40

45

50

ggc tgg agg aga ctg gcg gag ctg gcg ggg agt cgc ggg cgc ctc cgc 368

Gly Trp Arg Arg Leu Ala Glu Leu Ala Gly Ser Arg Gly Arg Leu Arg  
55 60 65

ctc agt tgc cta gac ctg gag cag tgt tct ctt aag gta ctg gag cct 416  
Leu Ser Cys Leu Asp Leu Glu Gln Cys Ser Leu Lys Val Leu Glu Pro  
70 75 80

gaa gga agc ccc agc ctg tgt ctg ctg aag tta atg ggt gaa aaa ggt 464  
Glu Gly Ser Pro Ser Leu Cys Leu Leu Lys Leu Met Gly Glu Lys Gly  
85 90 95 100

tgc aca gtc aca gaa ttg agt gat ttc ctg cag gct atg gaa cac act 512  
Cys Thr Val Thr Glu Leu Ser Asp Phe Leu Gln Ala Met Glu His Thr  
105 110 115

gaa gtt ctt cag ctt ctc agc ccc cca gga ata aag att act gta aac 560  
Glu Val Leu Gln Leu Leu Ser Pro Pro Gly Ile Lys Ile Thr Val Asn  
120 125 130

cca gag tca aag gca gtc ttg gct gga cag ttt gtg aaa ctg tgt tgc 608  
Pro Glu Ser Lys Ala Val Leu Ala Gly Gln Phe Val Lys Leu Cys Cys  
135 140 145

cgg gca act gga cat cct ttt gtt caa tat cag tgg ttc aaa atg aat 656  
Arg Ala Thr Gly His Pro Phe Val Gln Tyr Gln Trp Phe Lys Met Asn  
150 155 160

aaa gag att cca aat gga aat aca tca gag ctt att ttt aat gca gtg 704  
Lys Glu Ile Pro Asn Gly Asn Thr Ser Glu Leu Ile Phe Asn Ala Val



|   |     |     |     |      |
|---|-----|-----|-----|------|
| 165   | 170 | 175 | 180 |      |
| cat gta aaa gat gca ggc ttt tat gtc tgt cga gtt aat aac aat ttc |     |     |     | 752  |
| His Val Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Val Cys Arg Val Asn Asn Asn Phe |     |     |     |      |
|   | 185 | 190 | 195 |      |
| acc ttt gaa ttc agc cag tgg tca cag ctg gat gtt tgc gac atc cca |     |     |     | 800  |
| Thr Phe Glu Phe Ser Gln Trp Ser Gln Leu Asp Val Cys Asp Ile Pro |     |     |     |      |
|   | 200 | 205 | 210 |      |
| gag agc ttc cag aga agt gtt gat ggc gtc tct gaa tcc aag ttg caa |     |     |     | 848  |
| Glu Ser Phe Gln Arg Ser Val Asp Gly Val Ser Glu Ser Lys Leu Gln |     |     |     |      |
|   | 215 | 220 | 225 |      |
| atc tgt gtt gaa cca act tcc caa aag ctg atg cca ggc agc aca ttg |     |     |     | 896  |
| Ile Cys Val Glu Pro Thr Ser Gln Lys Leu Met Pro Gly Ser Thr Leu |     |     |     |      |
|   | 230 | 235 | 240 |      |
| gtt tta cag tgt gtt gct gtt gga agc cct att cct cac tac cag tgg |     |     |     | 944  |
| Val Leu Gln Cys Val Ala Val Gly Ser Pro Ile Pro His Tyr Gln Trp |     |     |     |      |
| 245   | 250 | 255 | 260 |      |
| ttc aaa aat gaa tta cca tta aca cat gag acc aaa aag cta tac atg |     |     |     | 992  |
| Phe Lys Asn Glu Leu Pro Leu Thr His Glu Thr Lys Lys Leu Tyr Met |     |     |     |      |
|   | 265 | 270 | 275 |      |
| gtg cct tat gtg gat ttg gaa cac caa gga acc tac tgg tgt cat gta |     |     |     | 1040 |
| Val Pro Tyr Val Asp Leu Glu His Gln Gly Thr Tyr Trp Cys His Val |     |     |     |      |
|   | 280 | 285 | 290 |      |

tat aat gat cga gac agt caa gat agc aag aag gta gaa atc atc ata 1088

Tyr Asn Asp Arg Asp Ser Gln Asp Ser Lys Lys Val Glu Ile Ile Ile

295

300

305

gga aga aca gat gag gca gtg gag tgc act gaa gat gaa tta aat aat. 1136

Gly Arg Thr Asp Glu Ala Val Glu Cys Thr Glu Asp Glu Leu Asn Asn

310

315

320

ctt ggt cat cct gat aat aaa gag caa aca act gac cag cct ttg gcg 1184

Leu Gly His Pro Asp Asn Lys Glu Gln Thr Thr Asp Gln Pro Leu Ala

325

330

335

340

aag gac aag gtt gcc ctt ttg ata gga aat atg aat tac cgg gag cac 1232

Lys Asp Lys Val Ala Leu Leu Ile Gly Asn Met Asn Tyr Arg Glu His

345

350

355

ccc aag ctc aaa gct cct ttg gtg gat gtg tac gaa ttg act aac tta 1280

Pro Lys Leu Lys Ala Pro Leu Val Asp Val Tyr Glu Leu Thr Asn Leu

360

365

370

ctg aga cag ctg gac ttc aaa gtg gtt tca ctg ttg gat ctt act gaa 1328

Leu Arg Gln Leu Asp Phe Lys Val Val Ser Leu Leu Asp Leu Thr Glu

375

380

385

tat gag atg cgt aat gct gtg gat gag ttt tta ctc ctt tta gac aag 1376

Tyr Glu Met Arg Asn Ala Val Asp Glu Phe Leu Leu Leu Leu Asp Lys

390

395

400

gga gta tat ggg tta tta tat tat gca gga cat ggt tat gaa aat ttt 1424

Gly Val Tyr Gly Leu Leu Tyr Tyr Ala Gly His Gly Tyr Glu Asn Phe

405 410 415 420

ggg aac agc ttc atg gtc ccc gtt gat gct cca aat cca tat agg tct 1472

Gly Asn Ser Phe Met Val Pro Val Asp Ala Pro Asn Pro Tyr Arg Ser

425 430 435

gaa aat tgt ctg tgt gta caa aat ata ctg aaa ttg atg caa gaa aaa 1520

Glu Asn Cys Leu Cys Val Gln Asn Ile Leu Lys Leu Met Gln Glu Lys

440 445 450

gaa act gga ctt aat gtg ttc tta ttg gat atg tgt agg aaa aga aat 1568

Glu Thr Gly Leu Asn Val Phe Leu Leu Asp Met Cys Arg Lys Arg Asn

455 460 465

gac tac gat gat acc att cca atc ttg gat gca cta aaa gtc acc gcc 1616

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Pro Ile Leu Asp Ala Leu Lys Val Thr Ala

470 475 480

aat att gtg ttt gga tat gcc acg tgt caa gga gca gaa gct ttt gaa 1664

Asn Ile Val Phe Gly Tyr Ala Thr Cys Gln Gly Ala Glu Ala Phe Glu

485 490 495 500

atc cag cat tct gga ttg gca aat gga atc ttt atg aaa ttt tta aaa 1712

Ile Gln His Ser Gly Leu Ala Asn Gly Ile Phe Met Lys Phe Leu Lys

505 510 515

gac aga tta tta gaa gat aag aaa atc act gtg tta ctg gat gaa gtt 1760

Asp Arg Leu Leu Glu Asp Lys Lys Ile Thr Val Leu Leu Asp Glu Val

520

525

530

gca gaa gat atg ggt aag tgt cac ctt acc aaa ggc aaa cag gct cta 1808

Ala Glu Asp Met Gly Lys Cys His Leu Thr Lys Gly Lys Gln Ala Leu

535

540

545

gag att cga agt agt tta tct gag aag aga gca ctt act gat cca ata 1856

Glu Ile Arg Ser Ser Leu Ser Glu Lys Arg Ala Leu Thr Asp Pro Ile

550

555

560

cag gga aca gaa tat tct gct gaa tct ctt gtg cgg aat cta cag tgg 1904

Gln Gly Thr Glu Tyr Ser Ala Glu Ser Leu Val Arg Asn Leu Gln Trp

565

570

575

580

gcc aag gct cat gaa ctt cca gaa agt atg tgt ctt aag ttt gac tgt 1952

Ala Lys Ala His Glu Leu Pro Glu Ser Met Cys Leu Lys Phe Asp Cys

585

590

595

ggt gtt cag att caa tta gga ttt gca gct gag ttt tcc aat gtc atg 2000

Gly Val Gln Ile Gln Leu Gly Phe Ala Ala Glu Phe Ser Asn Val Met

600

605

610

atc atc tat aca agt ata gtt tac aaa cca ccg gag ata ata atg tgt 2048

Ile Ile Tyr Thr Ser Ile Val Tyr Lys Pro Pro Glu Ile Ile Met Cys

615

620

625

gat gcc tac gtt act gat ttt cca ctt gat cta gat att gat cca aaa 2096

Asp Ala Tyr Val Thr Asp Phe Pro Leu Asp Leu Asp Ile Asp Pro Lys

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 630   | 635 | 640 |      |
| gat gca aat aaa ggc aca cct gaa gaa act ggc agc tac ttg gta tca |     |     | 2144 |
| Asp Ala Asn Lys Gly Thr Pro Glu Glu Thr Gly Ser Tyr Leu Val Ser |     |     |      |
| 645   | 650 | 655 | 660  |
| aag gat ctt ccc aag cat tgc ctc tat acc aga ctc agt tca ctg caa |     |     | 2192 |
| Lys Asp Leu Pro Lys His Cys Leu Tyr Thr Arg Leu Ser Ser Leu Gln |     |     |      |
|   | 665 | 670 | 675  |
| aaa tta aag gaa cat cta gtc ttc aca gta tgt tta tca tat cag tac |     |     | 2240 |
| Lys Leu Lys Glu His Leu Val Phe Thr Val Cys Leu Ser Tyr Gln Tyr |     |     |      |
|   | 680 | 685 | 690  |
| tca gga ttg gaa gat act gta gag gac aag cag gaa gtg aat gtt ggg |     |     | 2288 |
| Ser Gly Leu Glu Asp Thr Val Glu Asp Lys Gln Glu Val Asn Val Gly |     |     |      |
|   | 695 | 700 | 705  |
| aaa cct ctc att gct aaa tta gac atg cat cga ggt ttg gga agg aag |     |     | 2336 |
| Lys Pro Leu Ile Ala Lys Leu Asp Met His Arg Gly Leu Gly Arg Lys |     |     |      |
|   | 710 | 715 | 720  |
| act tgc ttt caa act tgt ctt atg tct aat ggt cct tac cag agt tct |     |     | 2384 |
| Thr Cys Phe Gln Thr Cys Leu Met Ser Asn Gly Pro Tyr Gln Ser Ser |     |     |      |
| 725   | 730 | 735 | 740  |
| gca gcc acc tca gga gga gca ggg cat tat cac tca ttg caa gac cca |     |     | 2432 |
| Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Gly His Tyr His Ser Leu Gln Asp Pro |     |     |      |
|   | 745 | 750 | 755  |

ttc cat ggt gtt tac cat tca cat cct ggt aat cca agt aat gtt aca 2480

Phe His Gly Val Tyr His Ser His Pro Gly Asn Pro Ser Asn Val Thr

760

765

770

cca gca gat agc tgt cat tgc agc cgg act cca gat gca ttt att tca 2528

Pro Ala Asp Ser Cys His Cys Ser Arg Thr Pro Asp Ala Phe Ile Ser

775

780

785

agt ttc gct cac cat gct tca tgt cat ttt agt aga agt aat gtg cca 2576

Ser Phe Ala His His Ala Ser Cys His Phe Ser Arg Ser Asn Val Pro

790

795

800

gta gag aca act gat gaa ata cca ttt agt ttc tct gac agg ctc aga 2624

Val Glu Thr Thr Asp Glu Ile Pro Phe Ser Phe Ser Asp Arg Leu Arg

805

810

815

820

att tct gaa aaa tgacctcctt gtttttgaaa gtttagcataa ttttagatgc 2676

Ile Ser Glu Lys

ctgtgaaata gtactgcact tacataaagt gagacattgt gaaaaggcaa atttgtatat 2736

gtagagaaag aatagtagta actgtttcat agcaaacttc aggactttga gatgttgaaa 2796

ttacattatt taattacaga ctctctcttt ct 2828

<210> 133

<211> 919

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 133

Met Lys Val Ala Arg Phe Gln Lys Ile Pro Asn Gly Glu Asn Glu Thr  
1 5 10 15

Met Ile Pro Val Leu Thr Ser Lys Lys Ala Ser Glu Leu Pro Val Ser  
20 25 30

Glu Val Ala Ser Ile Leu Gln Ala Asp Leu Gln Asn Gly Leu Asn Lys  
35 40 45

Cys Glu Val Ser His Arg Arg Ala Phe His Gly Trp Asn Glu Phe Asp  
50 55 60

Ile Ser Glu Asp Glu Pro Leu Trp Lys Lys Tyr Ile Ser Gln Phe Lys  
65 70 75 80

Asn Pro Leu Ile Met Leu Leu Leu Ala Ser Ala Val Ile Ser Val Leu  
85 90 95

Met His Gln Phe Asp Asp Ala Val Ser Ile Thr Val Ala Ile Leu Ile  
100 105 110

Val Val Thr Val Ala Phe Val Gln Glu Tyr Arg Ser Glu Lys Ser Leu  
115 120 125

Glu Glu Leu Ser Lys Leu Val Pro Pro Glu Cys His Cys Val Arg Glu

130

135

140

Gly Lys Leu Glu His Thr Leu Ala Arg Asp Leu Val Pro Gly Asp Thr

145

150

155

160

Val Cys Leu Ser Val Gly Asp Arg Val Pro Ala Asp Leu Arg Leu Phe

165

170

175

Glu Ala Val Asp Leu Ser Ile Asp Glu Ser Ser Leu Thr Gly Glu Thr

180

185

190

Thr Pro Cys Ser Lys Val Thr Ala Pro Gln Pro Ala Ala Thr Asn Gly

195

200

205

Asp Leu Ala Ser Arg Ser Asn Ile Ala Phe Met Gly Thr Leu Val Arg

210

215

220

Cys Gly Lys Ala Lys Gly Val Val Ile Gly Thr Gly Glu Asn Ser Glu

225

230

235

240

Phe Gly Glu Val Phe Lys Met Met Gln Ala Glu Glu Ala Pro Lys Thr

245

250

255

Pro Leu Gln Lys Ser Met Asp Leu Leu Gly Lys Gln Leu Ser Phe Tyr

260

265

270

Ser Phe Gly Ile Ile Gly Ile Ile Met Leu Val Gly Trp Leu Leu Gly

275

280

285



Lys Asp Ile Leu Glu Met Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Ala Val Ala  
290 295 300

Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ile Val Val Thr Val Thr Leu Ala Leu  
305 310 315 320

Gly Val Met Arg Met Val Lys Lys Arg Ala Ile Val Lys Lys Leu Pro  
325 330 335

Ile Val Glu Thr Leu Gly Cys Cys Asn Val Ile Cys Ser Asp Lys Thr  
340 345 350

Gly Thr Leu Thr Lys Asn Glu Met Thr Val Thr His Ile Phe Thr Ser  
355 360 365

Asp Gly Leu His Ala Glu Val Thr Gly Val Gly Tyr Asn Gln Phe Gly  
370 375 380

Glu Val Ile Val Asp Gly Asp Val Val His Gly Phe Tyr Asn Pro Ala  
385 390 395 400

Val Ser Arg Ile Val Glu Ala Gly Cys Val Cys Asn Asp Ala Val Ile  
405 410 415

Arg Asn Asn Thr Leu Met Gly Lys Pro Thr Glu Gly Ala Leu Ile Ala  
420 425 430

Leu Ala Met Lys Met Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gln Asp Tyr Ile Arg  
435 440 445

Lys Ala Glu Tyr Pro Phe Ser Ser Glu Gln Lys Trp Met Ala Val Lys

450

455

460

Cys Val His Arg Thr Gln Gln Asp Arg Pro Glu Ile Cys Phe Met Lys

465

470

475

480

Gly Ala Tyr Glu Gln Val Ile Lys Tyr Cys Thr Thr Tyr Gln Ser Lys

485

490

495

Gly Gln Thr Leu Thr Leu Thr Gln Gln Gln Arg Asp Val Tyr Gln Gln

500

505

510

Glu Lys Ala Arg Met Gly Ser Ala Gly Leu Arg Val Leu Ala Leu Ala

515

520

525

Ser Gly Pro Glu Leu Gly Gln Leu Thr Phe Leu Gly Leu Val Gly Ile

530

535

540

Ile Asp Pro Pro Arg Thr Gly Val Lys Glu Ala Val Thr Thr Leu Ile

545

550

555

560

Ala Ser Gly Val Ser Ile Lys Met Ile Thr Gly Asp Ser Gln Glu Thr

565

570

575

Ala Val Ala Ile Ala Ser Arg Leu Gly Leu Tyr Ser Lys Thr Ser Gln

580

585

590

Ser Val Ser Gly Glu Glu Ile Asp Ala Met Asp Val Gln Gln Leu Ser

595

600

605

Gln Ile Val Pro Lys Val Ala Val Phe Tyr Arg Ala Ser Pro Arg His

610

615

620

Lys Met Lys Ile Ile Lys Ser Leu Gln Lys Asn Gly Ser Val Val Ala

625

630

635

640

Met Thr Gly Asp Gly Val Asn Asp Ala Val Ala Leu Lys Ala Ala Asp

645

650

655

Ile Gly Val Ala Met Gly Gln Thr Gly Thr Asp Val Cys Lys Glu Ala

660

665

670

Ala Asp Met Ile Leu Val Asp Asp Asp Phe Gln Thr Ile Met Ser Ala

675

680

685

Ile Glu Glu Gly Lys Gly Ile Tyr Asn Asn Ile Lys Asn Phe Val Arg

690

695

700

Phe Gln Leu Ser Thr Ser Ile Ala Ala Leu Thr Leu Ile Ser Leu Ala

705

710

715

720

Thr Leu Met Asn Phe Pro Asn Pro Leu Asn Ala Met Gln Ile Leu Trp

725

730

735

Ile Asn Ile Ile Met Asp Gly Pro Pro Ala Gln Ser Leu Gly Val Glu

740

745

750

Pro Val Asp Lys Asp Val Ile Arg Lys Pro Pro Arg Asn Trp Lys Asp  
755 760 765

Ser Ile Leu Thr Lys Asn Leu Ile Leu Lys Ile Leu Val Ser Ser Ile  
770 775 780

Ile Ile Val Cys Gly Thr Leu Phe Val Phe Trp Arg Glu Leu Arg Asp  
785 790 795 800

Asn Val Ile Thr Pro Arg Asp Thr Thr Met Thr Phe Thr Cys Phe Val  
805 810 815

Phe Phe Asp Met Phe Asn Ala Leu Ser Ser Arg Ser Gln Thr Lys Ser  
820 825 830

Val Phe Glu Ile Gly Leu Cys Ser Asn Arg Met Phe Cys Tyr Ala Val  
835 840 845

Leu Gly Ser Ile Met Gly Gln Leu Leu Val Ile Tyr Phe Pro Pro Leu  
850 855 860

Gln Lys Val Phe Gln Thr Glu Ser Leu Ser Ile Leu Asp Leu Leu Phe  
865 870 875 880

Leu Leu Gly Leu Thr Ser Ser Val Cys Ile Val Ala Glu Ile Ile Lys  
885 890 895

Lys Val Glu Arg Ser Arg Glu Lys Ile Gln Lys His Val Ser Ser Thr  
900 905 910

Ser Ser Ser Phe Leu Glu Val

915

<210> 134

<211> 3612

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (427)..(3183)

<400> 134

acggcctcgc ggagccggcc cggcggaccg tgacgggtcc cctcacctcc tcttctctcc 60

cctccccgcc cgccctctct cctcccttc ctcctcccg ctgcttctt ctcacgccgg 120

gagcaggctc ccgcctcgca ccgctgcccc gcgagcagct cctcttctcc cgaggcgcgc 180

ggggcgcccc cgcgagcccc gcggtgaga cccgcagcc tggaggaggg ctgtccgggg 240

ctttggatgc tgctgctagg ggtggtggga gcagccgtgg gacgcgtggc cgggagcggg 300

ggtgacagcc tgggattccg ggggcttctc ttccttgtcc tctcctctc ctctctattc 360

ccagtgtggc cgtggctgac actaaagact ttgtagccat caaccgagt gcagtttcga 420

tggaat atg aag gtt gca cgt ttt caa aaa ata cct aat ggt gaa aat 468

Met Lys Val Ala Arg Phe Gln Lys Ile Pro Asn Gly Glu Asn

1

5

10

gag aca atg att cct gta ttg aca tca aaa aaa gca agt gaa tta cca 516

Glu Thr Met Ile Pro Val Leu Thr Ser Lys Lys Ala Ser Glu Leu Pro

15

20

25

30

gtc agt gaa gtt gca agc att ctc caa gct gat ctt cag aat ggt cta 564

Val Ser Glu Val Ala Ser Ile Leu Gln Ala Asp Leu Gln Asn Gly Leu

35

40

45

aac aaa tgt gaa gtt agt cat agg cga gcc ttt cat ggc tgg aat gag 612

Asn Lys Cys Glu Val Ser His Arg Arg Ala Phe His Gly Trp Asn Glu

50

55

60

ttt gat att agt gaa gat gag cca ctg tgg aag aag tat att tct cag 660

Phe Asp Ile Ser Glu Asp Glu Pro Leu Trp Lys Lys Tyr Ile Ser Gln

65

70

75

ttt aaa aat ccc ctt att atg ctg ctt ctg gct tct gca gtc atc agt 708

Phe Lys Asn Pro Leu Ile Met Leu Leu Leu Ala Ser Ala Val Ile Ser

80

85

90

gtt tta atg cat cag ttt gat gat gcc gtc agt atc act gtg gca ata 756

Val Leu Met His Gln Phe Asp Asp Ala Val Ser Ile Thr Val Ala Ile

95

100

105

110

ctt atc gtt gtt aca gtt gcc ttt gtt cag gaa tat cgt tca gaa aaa 804

Leu Ile Val Val Thr Val Ala Phe Val Gln Glu Tyr Arg Ser Glu Lys  
 115 120 125

tct ctt gaa gaa ttg agt aaa ctt gtg cca cca gaa tgc cat tgt gtg 852  
 Ser Leu Glu Glu Leu Ser Lys Leu Val Pro Pro Glu Cys His Cys Val  
 130 135 140

cgt gaa gga aaa ttg gag cat aca ctt gcc cga gac ttg gtt cca ggt 900  
 Arg Glu Gly Lys Leu Glu His Thr Leu Ala Arg Asp Leu Val Pro Gly  
 145 150 155

gat aca gtt tgc ctt tct gtt ggg gat aga gtt cct gct gac tta cgc 948  
 Asp Thr Val Cys Leu Ser Val Gly Asp Arg Val Pro Ala Asp Leu Arg  
 160 165 170

ttg ttt gag gct gtg gat ctt tcc att gat gag tcc agc ttg aca ggt 996  
 Leu Phe Glu Ala Val Asp Leu Ser Ile Asp Glu Ser Ser Leu Thr Gly  
 175 180 185 190

gag aca acg cct tgt tct aag gtg aca gct cct cag cca gct gca act 1044  
 Glu Thr Thr Pro Cys Ser Lys Val Thr Ala Pro Gln Pro Ala Ala Thr  
 195 200 205

aat gga gat ctt gca tcg aga agt aac att gcc ttt atg gga aca ctg 1092  
 Asn Gly Asp Leu Ala Ser Arg Ser Asn Ile Ala Phe Met Gly Thr Leu  
 210 215 220

gtc aga tgt ggc aaa gca aag ggt gtt gtc att gga aca gga gaa aat 1140  
 Val Arg Cys Gly Lys Ala Lys Gly Val Val Ile Gly Thr Gly Glu Asn

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 225   | 230 | 235 |      |
| tct gaa ttt ggg gag gtt ttt aaa atg atg caa gca gaa gag gca cca |     |     | 1188 |
| Ser Glu Phe Gly Glu Val Phe Lys Met Met Gln Ala Glu Glu Ala Pro |     |     |      |
| 240   | 245 | 250 |      |
| aaa acc cct ctg cag aag agc atg gac ctc tta gga aaa caa ctt tcc |     |     | 1236 |
| Lys Thr Pro Leu Gln Lys Ser Met Asp Leu Leu Gly Lys Gln Leu Ser |     |     |      |
| 255   | 260 | 265 | 270  |
| ttt tac tcc ttt ggt ata ata gga atc atc atg ttg gtt ggc tgg tta |     |     | 1284 |
| Phe Tyr Ser Phe Gly Ile Ile Gly Ile Ile Met Leu Val Gly Trp Leu |     |     |      |
| 275   | 280 | 285 |      |
| ctg gga aaa gat atc ctg gaa atg ttt act att agt gta agt ttg gct |     |     | 1332 |
| Leu Gly Lys Asp Ile Leu Glu Met Phe Thr Ile Ser Val Ser Leu Ala |     |     |      |
| 290   | 295 | 300 |      |
| gta gca gca att cct gaa ggt ctc ccc att gtg gtc acg gtg acg cta |     |     | 1380 |
| Val Ala Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ile Val Val Thr Val Thr Leu |     |     |      |
| 305   | 310 | 315 |      |
| gct ctt ggt gtt atg aga atg gtg aag aaa agg gcc att gtg aaa aag |     |     | 1428 |
| Ala Leu Gly Val Met Arg Met Val Lys Lys Arg Ala Ile Val Lys Lys |     |     |      |
| 320   | 325 | 330 |      |
| ctg cct att gtt gaa act ctg ggc tgc tgt aat gtg att tgt tca gat |     |     | 1476 |
| Leu Pro Ile Val Glu Thr Leu Gly Cys Cys Asn Val Ile Cys Ser Asp |     |     |      |
| 335   | 340 | 345 | 350  |



aaa act gga aca ctg acg aag aat gaa atg act gtt act cac ata ttt 1524

Lys Thr Gly Thr Leu Thr Lys Asn Glu Met Thr Val Thr His Ile Phe

355

360

365

act tca gat ggt ctg cat gct gag gtt act gga gtt ggc tat aat caa 1572

Thr Ser Asp Gly Leu His Ala Glu Val Thr Gly Val Gly Tyr Asn Gln

370

375

380

ttt ggg gaa gtg att gtt gat ggt gat gtt gtt cat gga ttc tat aac 1620

Phe Gly Glu Val Ile Val Asp Gly Asp Val Val His Gly Phe Tyr Asn

385

390

395

cca gct gtt agc aga att gtt gag gcg ggc tgt gtg tgc aat gat gct 1668

Pro Ala Val Ser Arg Ile Val Glu Ala Gly Cys Val Cys Asn Asp Ala

400

405

410

gta att aga aac aat act cta atg ggg aag cca aca gaa ggg gcc tta 1716

Val Ile Arg Asn Asn Thr Leu Met Gly Lys Pro Thr Glu Gly Ala Leu

415

420

425

430

att gct ctt gca atg aag atg ggt ctt gat gga ctt caa caa gac tac 1764

Ile Ala Leu Ala Met Lys Met Gly Leu Asp Gly Leu Gln Gln Asp Tyr

435

440

445

atc aga aaa gct gaa tac cct ttt agc tct gag caa aag tgg atg gct 1812

Ile Arg Lys Ala Glu Tyr Pro Phe Ser Ser Glu Gln Lys Trp Met Ala

450

455

460

gtt aag tgt gta cac cga aca cag cag gac aga cca gag att tgt ttt 1860  
Val Lys Cys Val His Arg Thr Gln Gln Asp Arg Pro Glu Ile Cys Phe

465

470

475

atg aaa ggt gct tac gaa caa gta att aag tac tgt act aca tac cag 1908  
Met Lys Gly Ala Tyr Glu Gln Val Ile Lys Tyr Cys Thr Thr Tyr Gln

480

485

490

agc aaa ggg cag acc ttg aca ctt act cag cag cag aga gat gtg tac 1956  
Ser Lys Gly Gln Thr Leu Thr Leu Thr Gln Gln Gln Arg Asp Val Tyr

495

500

505

510

caa caa gag aag gca cgc atg ggc tca gcg gga ctc aga gtt ctt gct 2004  
Gln Gln Glu Lys Ala Arg Met Gly Ser Ala Gly Leu Arg Val Leu Ala

515

520

525

ttg gct tct ggt cct gaa ctg gga cag ctg aca ttt ctt ggc ttg gtg 2052  
Leu Ala Ser Gly Pro Glu Leu Gly Gln Leu Thr Phe Leu Gly Leu Val

530

535

540

gga atc att gat cca cct aga act ggt gtg aaa gaa gct gtt aca aca 2100  
Gly Ile Ile Asp Pro Pro Arg Thr Gly Val Lys Glu Ala Val Thr Thr

545

550

555

ctc att gcc tca gga gta tca ata aaa atg att act gga gat tca cag 2148  
Leu Ile Ala Ser Gly Val Ser Ile Lys Met Ile Thr Gly Asp Ser Gln

560

565

570

gag act gca gtt gca atc gcc agt cgt ctg gga ttg tat tcc aaa act 2196

Glu Thr Ala Val Ala Ile Ala Ser Arg Leu Gly Leu Tyr Ser Lys Thr  
575 580 585 590

tcc cag tca gtc tca gga gaa gaa ata gat gca atg gat gtt cag cag 2244  
Ser Gln Ser Val Ser Gly Glu Glu Ile Asp Ala Met Asp Val Gln Gln  
595 600 605

ctt tca caa ata gta cca aag gtt gca gta ttt tac aga gct agc cca 2292  
Leu Ser Gln Ile Val Pro Lys Val Ala Val Phe Tyr Arg Ala Ser Pro  
610 615 620

agg cac aag atg aaa att att aag tcg cta cag aag aac ggt tca gtt 2340  
Arg His Lys Met Lys Ile Ile Lys Ser Leu Gln Lys Asn Gly Ser Val  
625 630 635

gta gcc atg aca gga gat gga gta aat gat gca gtt gct ctg aag gct 2388  
Val Ala Met Thr Gly Asp Gly Val Asn Asp Ala Val Ala Leu Lys Ala  
640 645 650

gca gac att gga gtt gcg atg ggc cag act ggt aca gat gtt tgc aaa 2436  
Ala Asp Ile Gly Val Ala Met Gly Gln Thr Gly Thr Asp Val Cys Lys  
655 660 665 670

gag gca gca gac atg atc cta gtg gat gat gat ttt caa acc ata atg 2484  
Glu Ala Ala Asp Met Ile Leu Val Asp Asp Asp Phe Gln Thr Ile Met  
675 680 685

tct gca atc gaa gag ggt aaa ggg att tat aat aac att aaa aat ttc 2532  
Ser Ala Ile Glu Glu Gly Lys Gly Ile Tyr Asn Asn Ile Lys Asn Phe

|   |     |     |      |
|---|-----|-----|------|
| 690   | 695 | 700 |      |
| g t t a g a t t c c a g c t g a g c a c g a g t a t a g c a g c a t t a a c t t t a a t c t c a |     |     | 2580 |
| Val Arg Phe Gln Leu Ser Thr Ser Ile Ala Ala Leu Thr Leu Ile Ser                                 |     |     |      |
| 705   | 710 | 715 |      |
| t t g g c t a c a t t a a t g a a c t t t c c t a a t c c t c t c a a t g c c a t g c a g a t t |     |     | 2628 |
| Leu Ala Thr Leu Met Asn Phe Pro Asn Pro Leu Asn Ala Met Gln Ile                                 |     |     |      |
| 720   | 725 | 730 |      |
| t t g t g g a t c a a t a t t a t t a t g g a t g g a c c c c c a g c t c a g a g c c t t g g a |     |     | 2676 |
| Leu Trp Ile Asn Ile Ile Met Asp Gly Pro Pro Ala Gln Ser Leu Gly                                 |     |     |      |
| 735   | 740 | 745 | 750  |
| g t a g a a c c a g t g g a t a a a g a t g t c a t t c g t a a a c c t c c t c g c a a c t g g |     |     | 2724 |
| Val Glu Pro Val Asp Lys Asp Val Ile Arg Lys Pro Pro Arg Asn Trp                                 |     |     |      |
| 755   | 760 | 765 |      |
| a a a g a c a g c a t t t t g a c t a a a a a c t t g a t a c t t a a a a t a c t t g t t t c a |     |     | 2772 |
| Lys Asp Ser Ile Leu Thr Lys Asn Leu Ile Leu Lys Ile Leu Val Ser                                 |     |     |      |
| 770   | 775 | 780 |      |
| t c a a t a a t c a t t g t t t g t g g g a c t t t g t t t g t c t t c t g g c g t g a g c t a |     |     | 2820 |
| Ser Ile Ile Ile Val Cys Gly Thr Leu Phe Val Phe Trp Arg Glu Leu                                 |     |     |      |
| 785   | 790 | 795 |      |
| c g a g a c a a t g t g a t t a c a c c t c g a g a c a c a a c a t g a c c t t c a c a t g c   |     |     | 2868 |
| Arg Asp Asn Val Ile Thr Pro Arg Asp Thr Thr Met Thr Phe Thr Cys                                 |     |     |      |
| 800   | 805 | 810 |      |

ttt gtg ttt ttt gac atg ttc aat gca cta agt tcc aga tcc cag acc 2916

Phe Val Phe Phe Asp Met Phe Asn Ala Leu Ser Ser Arg Ser Gln Thr

815 820 825 830

aag tct gtg ttt gag att gga ctc tgc agt aat aga atg ttt tgc tat 2964

Lys Ser Val Phe Glu Ile Gly Leu Cys Ser Asn Arg Met Phe Cys Tyr

835 840 845

gca gtt ctt gga tcc atc atg gga caa tta cta gtt att tac ttt cct 3012

Ala Val Leu Gly Ser Ile Met Gly Gln Leu Leu Val Ile Tyr Phe Pro

850 855 860

ccg ctt cag aag gtt ttt cag act gag agc cta agc ata ctg gat ctg 3060

Pro Leu Gln Lys Val Phe Gln Thr Glu Ser Leu Ser Ile Leu Asp Leu

865 870 875

ttg ttt ctt ttg ggt ctc acc tca tca gtg tgc ata gtg gca gaa att 3108

Leu Phe Leu Leu Gly Leu Thr Ser Ser Val Cys Ile Val Ala Glu Ile

880 885 890

ata aag aag gtt gaa agg agc agg gaa aag atc cag aag cat gtt agt 3156

Ile Lys Lys Val Glu Arg Ser Arg Glu Lys Ile Gln Lys His Val Ser

895 900 905 910

tcg aca tca tca tct ttt ctt gaa gta tgatgcatat tgcattattt 3203

Ser Thr Ser Ser Ser Phe Leu Glu Val

915

tatttgcaaa ctaggaattg cagtctgagg atcatttaga agggcaagtt caagaggata 3263  
 tgaagatttg agaacttttt aactattcat tgactaaaaa tgaacattaa tgttaaagac 3323  
 ttaagacttt aacctgctgg cagtcccaaa tgaaattatg caactttgat atcatattcc 3383  
 ttgatttaaa ttggcttttg tgattgagtg aaactttata aagcatatgg tcagttattt 3443  
 aattaaaaag gcaaaacctg aaccaccttc tgcacttaaa gaagtctaac agtacaaata 3503  
 cactatctat cttagataga tatatTTTTT tttatTTTTa aatattgtac tatttatggt 3563  
 ggtggggctt tcttactaat acacaaataa atttaatcat ttcaaaggc 3612

<210> 135  
 <211> 382  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapiens

<400> 135

Met Gly Ala Phe Leu Asp Lys Pro Lys Met Glu Lys His Asn Ala Gln

1 5 10 15

Gly Gln Gly Asn Gly Leu Arg Tyr Gly Leu Ser Ser Met Gln Gly Trp

20 25 30

Arg Val Glu Met Glu Asp Ala His Thr Ala Val Ile Gly Leu Pro Ser

35 40 45

Gly Leu Glu Ser Trp Ser Phe Phe Ala Val Tyr Asp Gly His Ala Gly

50

55

60

Ser Gln Val Ala Lys Tyr Cys Cys Glu His Leu Leu Asp His Ile Thr

65

70

75

80

Asn Asn Gln Asp Phe Lys Gly Ser Ala Gly Ala Pro Ser Val Glu Asn

85

90

95

Val Lys Asn Gly Ile Arg Thr Gly Phe Leu Glu Ile Asp Glu His Met

100

105

110

Arg Val Met Ser Glu Lys Lys His Gly Ala Asp Arg Ser Gly Ser Thr

115

120

125

Ala Val Gly Val Leu Ile Ser Pro Gln His Thr Tyr Phe Ile Asn Cys

130

135

140

Gly Asp Ser Arg Gly Leu Leu Cys Arg Asn Arg Lys Val His Phe Phe

145

150

155

160

Thr Gln Asp His Lys Pro Ser Asn Pro Leu Glu Lys Glu Arg Ile Gln

165

170

175

Asn Ala Gly Gly Ser Val Met Ile Gln Arg Val Asn Gly Ser Leu Ala

180

185

190

Val Ser Arg Ala Leu Gly Asp Phe Asp Tyr Lys Cys Val His Gly Lys

|   |     |         |
|---|-----|---------|
| 195   | 200 | 205     |
| Gly Pro Thr Glu Gln Leu Val Ser Pro Glu Pro Glu Val His Asp Ile |     |         |
| 210   | 215 | 220     |
| Glu Arg Ser Glu Glu Asp Asp Gln Phe Ile Ile Leu Ala Cys Asp Gly |     |         |
| 225   | 230 | 235 240 |
| Ile Trp Asp Val Met Gly Asn Glu Glu Leu Cys Asp Phe Val Arg Ser |     |         |
| 245   | 250 | 255     |
| Arg Leu Glu Val Thr Asp Asp Leu Glu Lys Val Cys Asn Glu Val Val |     |         |
| 260   | 265 | 270     |
| Asp Thr Cys Leu Tyr Lys Gly Ser Arg Asp Asn Met Ser Val Ile Leu |     |         |
| 275   | 280 | 285     |
| Ile Cys Phe Pro Asn Ala Pro Lys Val Ser Pro Glu Ala Val Lys Lys |     |         |
| 290   | 295 | 300     |
| Glu Ala Glu Leu Asp Lys Tyr Leu Glu Cys Arg Val Glu Glu Ile Ile |     |         |
| 305   | 310 | 315 320 |
| Lys Lys Gln Gly Glu Gly Val Pro Asp Leu Val His Val Met Arg Thr |     |         |
| 325   | 330 | 335     |
| Leu Ala Ser Glu Asn Ile Pro Ser Leu Pro Pro Gly Gly Glu Leu Ala |     |         |
| 340   | 345 | 350     |



Ser Lys Arg Asn Val Ile Glu Ala Val Tyr Asn Arg Leu Asn Pro Tyr  
 355 360 365

Lys Asn Asp Asp Thr Asp Ser Thr Ser Thr Asp Asp Met Trp  
 370 375 380

<210> 136

<211> 2467

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (444)..(1589)

<400> 136

acgggagcgc gcgcgggagc tagagagcag tggctcggc gctcgtccgg cccgcagctt 60

cgggtcctca ggccgctggt gctccggaac ggggtggttg ggaggggggg gtggggggac 120

tctagacagc tgaggcgaga aagcgatgag tctcggctc ttcctcctcc ttctccggga 180

cccgtctct gcctccctct ccaacgccc gatgatctga gccgcgaggg cgccgacagc 240

cgggggccc gacgcagccc ggctcctccc ctctccgcc ccttccccag cctgacctgg 300

cccgccgtg cagcggtagc ccttccccg gctgccgcc tcgccgccg ggtgaccccc 360

tccccggctg ccgccgccgc cgcctcggcc gaccagggac ctgcccgcct gcggctgctc 420

cggacctaga ggatcaagac ata atg gga gca ttt tta gac aag cca aag atg 473

Met Gly Ala Phe Leu Asp Lys Pro Lys Met

1 5 10

gaa aag cat aat gcc cag ggg cag ggt aat ggg ttg cga tat ggg cta 521

Glu Lys His Asn Ala Gln Gly Gln Gly Asn Gly Leu Arg Tyr Gly Leu

15 20 25

agc agc atg caa ggc tgg cgt gtt gaa atg gag gat gca cat acg gct 569

Ser Ser Met Gln Gly Trp Arg Val Glu Met Glu Asp Ala His Thr Ala

30 35 40

gtg atc ggt ttg cca agt gga ctt gaa tcg tgg tca ttc ttt gct gtg 617

Val Ile Gly Leu Pro Ser Gly Leu Glu Ser Trp Ser Phe Phe Ala Val

45 50 55

tat gat ggg cat gct ggt tct cag gtt gcc aaa tac tgc tgt gag cat 665

Tyr Asp Gly His Ala Gly Ser Gln Val Ala Lys Tyr Cys Cys Glu His

60 65 70

ttg tta gat cac atc acc aat aac cag gat ttt aaa ggg tct gca gga 713

Leu Leu Asp His Ile Thr Asn Asn Gln Asp Phe Lys Gly Ser Ala Gly

75 80 85 90

gca cct tct gtg gaa aat gta aag aat gga atc aga aca ggt ttt ctg 761

Ala Pro Ser Val Glu Asn Val Lys Asn Gly Ile Arg Thr Gly Phe Leu

95 100 105

gag att gat gaa cac atg aga gtt atg tca gag aag aaa cat ggt gca 809

Glu Ile Asp Glu His Met Arg Val Met Ser Glu Lys Lys His Gly Ala

110

115

120

gat aga agt ggg tca aca gct gta ggt gtc tta att tct ccc caa cat 857

Asp Arg Ser Gly Ser Thr Ala Val Gly Val Leu Ile Ser Pro Gln His

125

130

135

act tat ttc att aac tgt gga gac tca aga ggt tta ctt tgt agg aac 905

Thr Tyr Phe Ile Asn Cys Gly Asp Ser Arg Gly Leu Leu Cys Arg Asn

140

145

150

agg aaa gtt cat ttc ttc aca caa gat cac aaa cca agt aat ccg ctg 953

Arg Lys Val His Phe Phe Thr Gln Asp His Lys Pro Ser Asn Pro Leu

155

160

165

170

gag aaa gaa cga att cag aat gca ggt ggc tct gta atg att cag cgt 1001

Glu Lys Glu Arg Ile Gln Asn Ala Gly Gly Ser Val Met Ile Gln Arg

175

180

185

gtg aat ggc tct ctg gct gta tcg agg gcc ctt ggg gat ttt gat tac 1049

Val Asn Gly Ser Leu Ala Val Ser Arg Ala Leu Gly Asp Phe Asp Tyr

190

195

200

aaa tgt gtc cat gga aaa ggt cct act gag cag ctt gtc tca cca gag 1097

Lys Cys Val His Gly Lys Gly Pro Thr Glu Gln Leu Val Ser Pro Glu

205

210

215

cct gaa gtc cat gat att gaa aga tct gaa gaa gat gat cag ttc att 1145  
Pro Glu Val His Asp Ile Glu Arg Ser Glu Glu Asp Asp Gln Phe Ile

220

225

230

atc ctt gca tgt gat ggt atc tgg gat gtt atg gga aat gaa gag ctc 1193  
Ile Leu Ala Cys Asp Gly Ile Trp Asp Val Met Gly Asn Glu Glu Leu

235

240

245

250

tgt gat ttt gta aga tcc aga ctt gaa gtc act gat gac ctt gag aaa 1241  
Cys Asp Phe Val Arg Ser Arg Leu Glu Val Thr Asp Asp Leu Glu Lys

255

260

265

gtt tgc aat gaa gta gtc gac acc tgt ttg tat aag gga agt cga gac 1289  
Val Cys Asn Glu Val Val Asp Thr Cys Leu Tyr Lys Gly Ser Arg Asp

270

275

280

aac atg agt gtg att ttg atc tgt ttt cca aat gca ccc aaa gta tcg 1337  
Asn Met Ser Val Ile Leu Ile Cys Phe Pro Asn Ala Pro Lys Val Ser

285

290

295

cca gaa gca gtg aag aag gag gca gag ttg gac aag tac ctg gaa tgc 1385  
Pro Glu Ala Val Lys Lys Glu Ala Glu Leu Asp Lys Tyr Leu Glu Cys

300

305

310

aga gta gaa gaa atc ata aag aag cag ggg gaa ggc gtc ccc gac tta 1433  
Arg Val Glu Glu Ile Ile Lys Lys Gln Gly Glu Gly Val Pro Asp Leu

315

320

325

330

gtc cat gtg atg cgc aca tta gcg agt gag aac atc ccc agc ctc cca 1481

Val His Val Met Arg Thr Leu Ala Ser Glu Asn Ile Pro Ser Leu Pro

335

340

345

cca ggg ggt gaa ttg gca agc aag agg aat gtt att gaa gcc gtt tac 1529

Pro Gly Gly Glu Leu Ala Ser Lys Arg Asn Val Ile Glu Ala Val Tyr

350

355

360

aat aga ctg aat cct tac aaa aat gac gac act gac tct aca tca aca 1577

Asn Arg Leu Asn Pro Tyr Lys Asn Asp Asp Thr Asp Ser Thr Ser Thr

365

370

375

gat gat atg tgg taaaactgct catctagcca tggagtttac cttcacctcc 1629

Asp Asp Met Trp

380

aaaggagagt acagctcaac ttgttgaaa cttttaacat ccacccctcaa ctttaaggaa 1689

ggggatatga catgggtgag aatgattaca tcagagaact tcagcagtagc aacagctagc 1749

ccagaactga tttttttttt ttttttgtaa atttgagact tatgtaagcg tgatttcaaa 1809

ccataattcg tgttgtaa at cagactccag caatttttgt tgtatgattt tgtttttttg 1869

taaagtgtaa ttgtccttgt acaaaatgct catattta at tatgaactgc tttaa atcac 1929

tatcaaagtt acaagaaatg ttggccttat tgtgtgatgc aacagatata tagccctttc 1989

aagtcatgtt gtgtttggac ttgggggttg aacagggaga gcagcagcca tgtcagctac 2049

acgctcaaat gtgcagatga ttatggaaaa taacctcaaa atcttacaaa gctgaacatc 2109

caaggagtta ttgaaaacta tcttaaagt tcttggtagg ggagttggca ttgttgataa 2169

agccagtcce ttcatttaac tgtctttcag gatgttcctt cgttgtttcc atgagtattg 2229

caggtaataa tacagtgtat tcataagaat ctcaatcttg gggctaaatg ccttgtttct 2289

ttgcacctct tttcaagtcc ttacatttaa ttactaattg ataagcagca gcttcctaca 2349

tatagtagga aactgccaca tttttgctat catgattggc tgggcctgct gctgttccta 2409

gtaagatatt ctgaattcca ttttatcaat aaagcttgat ttaacaaaca agaaactt 2467

<210> 137

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 137

Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn Asp Glu Val

1 5 10 15

Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr Ile Phe Asp

20 25 30

Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile Leu Lys Leu

35 40 45

Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser Ser Gln Val

50

55

60

Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys Val Asn Arg

65

70

75

80

Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro Ser Thr Asn

85

90

95

Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys Ser Ala Ser

100

105

110

Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala Ser Met Ser

115

120

125

Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys Asn Val Met

130

135

140

Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro Pro Ser Ala

145

150

155

160

Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala Ser Ser Ser

165

170

175

Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro Pro Tyr Thr

180

185

190

Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr Gln Gln Gln

195

200

205

Ala Gly Tyr Gly Ala Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln Gln Pro Gln

210

215

220

Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln Thr Gly Pro

225

230

235

240

Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro Thr Ser Gln

245

250

255

Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu Pro Ala Gln

260

265

270

Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln Thr Tyr Thr

275

280

285

Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro Ala Ser Gln

290

295

300

Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro Arg Pro Gly

305

310

315

320

Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Pro Ser Gly Pro

325

330

335

Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly Tyr Thr Gln

340

345

350



Pro Gly Pro Gly Tyr Arg

355

<210> 138

<211> 1519

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (11)..(1084)

<400> 138

attagtgcta atg atg caa cga gtt ttc aga gga aaa ctt ctg agt aat 49

Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn

1

5

10

gat gaa gta aca ata aag tat aaa gat gaa gat gga gat ctt ata aca 97

Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr

15

20

25

att ttt gat agt tct gac ctt tcc ttt gca att cag tgc agt agg ata 145

Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile

30

35

40

45

ctg aaa ctg aca tta ttt gtt aat ggc cag cca aga ccc ctt gaa tca 193

Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser

50

55

60

agt cag gtg aaa tat ctc cgt cga gaa ctg ata gaa ctt cga aat aaa 241

Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys

65

70

75

gtg aat cgt tta ttg gat agc ttg gaa cca cct gga gaa cca gga cct 289

Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro

80

85

90

tcc acc aat att cct gaa aat gat act gtg gat ggt agg gaa gaa aag 337

Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys

95

100

105

tct gct tct gat tct tct gga aaa cag tct act cag gtt atg gca gca 385

Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala

110

115

120

125

agt atg tct gct ttt gat cct tta aaa aac caa gat gaa atc aat aaa 433

Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys

130

135

140

aat gtt atg tca gcg ttt ggc tta aca gat gat cag gtt tca ggg cca 481

Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro

145

150

155

ccc agt gct cct gca gaa gat cgt tca gga aca ccc gac agc att gct 529

Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala

160

165

170

tcc tcc tcc tca gca gct cac cca cca ggc gtt cag cca cag cag cca 577

Ser Ser Ser Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro

175

180

185

cca tat aca gga gct cag act caa gca ggt cag atg tac caa cag tac 625

Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr

190

195

200

205

cag caa cag gcc ggc tat ggt gca cag cag ccg cag gct cca cct cag 673

Gln Gln Gln Ala Gly Tyr Gly Ala Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln

210

215

220

cag cct caa cag tat ggt att cag tat tca gca agc tat agt cag cag 721

Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln

225

230

235

act gga ccc caa caa cct cag cag ttc cag gga tat ggc cag caa cca 769

Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro

240

245

250

act tcc cag gca cca gct cct gcc ttt tct ggt cag cct caa caa ctg 817

Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu

255

260

265

cct gct cag ccg cca cag cag tac cag gcg agc aat tat cct gca caa 865

Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln

270

275

280

285

act tac act gcc caa act tct cag cct act aat tat act gtg gct cct 913

Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro  
290 295 300

gcc tct caa cct gga atg gct cca agc caa cct ggg gcc tat caa cca 961  
Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro  
305 310 315

aga cca ggt ttt act tca ctt cct gga agt acc atg acc cct cct cca 1009  
Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Pro  
320 325 330

agt ggg cct aat cct tat gcg cgt aac cgt cct ccc ttt ggt cag ggc 1057  
Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly  
335 340 345

tat acc caa cct gga cct ggt tat cga taaggaggct cctctacacc 1104  
Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr Arg  
350 355

aattaatgta gctgctagct attggcctcc caaaagactc cagtactatt ttaatttgta 1164

ttgaagaagt tcagaaattt aaaagcagag cattttttat gatatcattg ttggtgttaa 1224

ttgaaagtat aatttgctgg aacacaaaga ccaaaatgaa agttttttcc tccctgctta 1284

aaaatgtagc agcttcttag ttactttgga acactactct tacatgtata aagtgattga 1344

cttgactttc tagcttcct tgtccggagg atattaaaat gctagggtga ggtttagcca 1404

tcttacttgg ctttttacta ttaacatgat gtactaaagt agagcccttt gagaatacaa 1464

gatattatgt ataaaatgta acactgatga taggttaata aagatgattg aatcc 1519

<210> 139

<211> 396

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 139

Met Asn Gly Gln Leu Asp Leu Ser Gly Lys Leu Ile Val Lys Ala Gln

1

5

10

15

Leu Gly Glu Asp Ile Arg Arg Ile Pro Ile His Asn Glu Asp Ile Thr

20

25

30

Tyr Asp Glu Leu Val Leu Met Met Gln Arg Val Phe Arg Gly Lys Leu

35

40

45

Leu Ser Asn Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys Asp Glu Asp Gly Asp

50

55

60

Leu Ile Thr Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser Phe Ala Ile Gln Cys

65

70

75

80

Ser Arg Ile Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn Gly Gln Pro Arg Pro

85

90

95

Leu Glu Ser Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg Glu Leu Ile Glu Leu  
100 105 110

Arg Asn Lys Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu Glu Pro Pro Gly Glu  
115 120 125

Pro Gly Pro Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp Thr Val Asp Gly Arg  
130 135 140

Glu Glu Lys Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys Gln Ser Thr Gln Val  
145 150 155 160

Met Ala Ala Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu Lys Asn Gln Asp Glu  
165 170 175

Ile Asn Lys Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu Thr Asp Asp Gln Val  
180 185 190

Ser Gly Pro Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg Ser Gly Thr Pro Asp  
195 200 205

Ser Ile Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ala His Pro Pro Gly Val Gln Pro  
210 215 220

Gln Gln Pro Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln Ala Gly Gln Met Tyr  
225 230 235 240

Gln Gln Tyr Gln Gln Gln Ala Gly Tyr Gly Ala Gln Gln Pro Gln Ala  
245 250 255

Pro Pro Gln Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln Tyr Ser Ala Ser Tyr  
260 265 270

Ser Gln Gln Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln Phe Gln Gly Tyr Gly  
275 280 285

Gln Gln Pro Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala Phe Ser Gly Gln Pro  
290 295 300

Gln Gln Leu Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr Gln Ala Ser Asn Tyr  
305 310 315 320

Pro Ala Gln Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln Pro Thr Asn Tyr Thr  
325 330 335

Val Ala Pro Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro Ser Gln Pro Gly Ala  
340 345 350

Tyr Gln Pro Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro Gly Ser Thr Met Thr  
355 360 365

Pro Pro Pro Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg Asn Arg Pro Pro Phe  
370 375 380

Gly Gln Gly Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr Arg  
385 390 395

<210> 140  
 <211> 1641  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (19)..(1206)

<400> 140

aacatcctgg agtccacc atg aac gga cag ttg gat cta agt ggg aag cta 51  
 Met Asn Gly Gln Leu Asp Leu Ser Gly Lys Leu  
 1 5 10

atc gtc aaa gct caa ctt ggg gag gat att cgg cga att cct att cat 99  
 Ile Val Lys Ala Gln Leu Gly Glu Asp Ile Arg Arg Ile Pro Ile His  
 15 20 25

aat gaa gat att act tat gat gaa tta gtg cta atg atg caa cga gtt 147  
 Asn Glu Asp Ile Thr Tyr Asp Glu Leu Val Leu Met Met Gln Arg Val  
 30 35 40

ttc aga gga aaa ctt ctg agt aat gat gaa gta aca ata aag tat aaa 195  
 Phe Arg Gly Lys Leu Leu Ser Asn Asp Glu Val Thr Ile Lys Tyr Lys  
 45 50 55

gat gaa gat gga gat ctt ata aca att ttt gat agt tct gac ctt tcc 243  
 Asp Glu Asp Gly Asp Leu Ile Thr Ile Phe Asp Ser Ser Asp Leu Ser  
 60 65 70 75



ttt gca att cag tgc agt agg ata ctg aaa ctg aca tta ttt gtt aat 291

Phe Ala Ile Gln Cys Ser Arg Ile Leu Lys Leu Thr Leu Phe Val Asn

80

85

90

ggc cag cca aga ccc ctt gaa tca agt cag gtg aaa tat ctc cgt cga 339

Gly Gln Pro Arg Pro Leu Glu Ser Ser Gln Val Lys Tyr Leu Arg Arg

95

100

105

gaa ctg ata gaa ctt cga aat aaa gtg aat cgt tta ttg gat agc ttg 387

Glu Leu Ile Glu Leu Arg Asn Lys Val Asn Arg Leu Leu Asp Ser Leu

110

115

120

gaa cca cct gga gaa cca gga cct tcc acc aat att cct gaa aat gat 435

Glu Pro Pro Gly Glu Pro Gly Pro Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn Asp

125

130

135

act gtg gat ggt agg gaa gaa aag tct gct tct gat tct tct gga aaa 483

Thr Val Asp Gly Arg Glu Glu Lys Ser Ala Ser Asp Ser Ser Gly Lys

140

145

150

155

cag tct act cag gtt atg gca gca agt atg tct gct ttt gat cct tta 531

Gln Ser Thr Gln Val Met Ala Ala Ser Met Ser Ala Phe Asp Pro Leu

160

165

170

aaa aac caa gat gaa atc aat aaa aat gtt atg tca gcg ttt ggc tta 579

Lys Asn Gln Asp Glu Ile Asn Lys Asn Val Met Ser Ala Phe Gly Leu

175

180

185

aca gat gat cag gtt tca ggg cca ccc agt gct cct gca gaa gat cgt 627  
 Thr Asp Asp Gln Val Ser Gly Pro Pro Ser Ala Pro Ala Glu Asp Arg  
 190 195 200

tca gga aca ccc gac agc att gct tcc tcc tcc tca gca gct cac cca 675  
 Ser Gly Thr Pro Asp Ser Ile Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ala His Pro  
 205 210 215

cca ggc gtt cag cca cag cag cca cca tat aca gga gct cag act caa 723  
 Pro Gly Val Gln Pro Gln Gln Pro Pro Tyr Thr Gly Ala Gln Thr Gln  
 220 225 230 235

gca ggt cag atg tac caa cag tac cag caa cag gcc ggc tat ggt gca 771  
 Ala Gly Gln Met Tyr Gln Gln Tyr Gln Gln Gln Ala Gly Tyr Gly Ala  
 240 245 250

cag cag ccg cag gct cca cct cag cag cct caa cag tat ggt att cag 819  
 Gln Gln Pro Gln Ala Pro Pro Gln Gln Pro Gln Gln Tyr Gly Ile Gln  
 255 260 265

tat tca gca agc tat agt cag cag act gga ccc caa caa cct cag cag 867  
 Tyr Ser Ala Ser Tyr Ser Gln Gln Thr Gly Pro Gln Gln Pro Gln Gln  
 270 275 280

ttc cag gga tat ggc cag caa cca act tcc cag gca cca gct cct gcc 915  
 Phe Gln Gly Tyr Gly Gln Gln Pro Thr Ser Gln Ala Pro Ala Pro Ala  
 285 290 295

ttt tct ggt cag cct caa caa ctg cct gct cag ccg cca cag cag tac 963

Phe Ser Gly Gln Pro Gln Gln Leu Pro Ala Gln Pro Pro Gln Gln Tyr  
300 305 310 315

cag gcg agc aat tat cct gca caa act tac act gcc caa act tct cag 1011  
Gln Ala Ser Asn Tyr Pro Ala Gln Thr Tyr Thr Ala Gln Thr Ser Gln  
320 325 330

cct act aat tat act gtg gct cct gcc tct caa cct gga atg gct cca 1059  
Pro Thr Asn Tyr Thr Val Ala Pro Ala Ser Gln Pro Gly Met Ala Pro  
335 340 345

agc caa cct ggg gcc tat caa cca aga cca ggt ttt act tca ctt cct 1107  
Ser Gln Pro Gly Ala Tyr Gln Pro Arg Pro Gly Phe Thr Ser Leu Pro  
350 355 360

gga agt acc atg acc cct cct cca agt ggg cct aat cct tat gcg cgt 1155  
Gly Ser Thr Met Thr Pro Pro Pro Ser Gly Pro Asn Pro Tyr Ala Arg  
365 370 375

aac cgt cct ccc ttt ggt cag ggc tat acc caa cct gga cct ggt tat 1203  
Asn Arg Pro Pro Phe Gly Gln Gly Tyr Thr Gln Pro Gly Pro Gly Tyr  
380 385 390 395

cga taaggaggct cctctacacc aattaatgta gctgctagct attggcctcc 1256  
Arg

caaaagactc cagtactatt ttaatttgta ttgaagaagt tcagaaattt aaaagcagag 1316

cattttttat gatattcattg ttggtgttaa ttgaaagtat aatttgctgg aacacaaaga 1376

ccaaaatgaa agttttttcc tccctgctta aaaatgtagc agcttcttag ttactttgga 1436

acactactct tacatgtata aagtgattga cttgactttc tagcttcctt tgtccggagg 1496

atattaaaat gctaggggtga ggtttagcca tcttacttgg ctttttacta ttaacatgat 1556

gtactaaagt agagcccttt gagaatacaa gatattatgt ataaaatgta acactgatga 1616

taggttaata aagatgattg aatcc 1641

<210> 141

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 141

Met Ala Phe Ser Gly Ser Gln Ala Pro Tyr Leu Ser Pro Ala Val Pro

1 5 10 15

Phe Ser Gly Thr Ile Gln Gly Gly Leu Gln Asp Gly Leu Gln Ile Thr

20 25 30

Val Asn Gly Thr Val Leu Ser Ser Ser Gly Thr Arg Phe Ala Val Asn

35 40 45

Phe Gln Thr Gly Phe Ser Gly Asn Asp Ile Ala Phe His Phe Asn Pro

50 55 60

Arg Phe Glu Asp Gly Gly Tyr Val Val Cys Asn Thr Arg Gln Asn Gly  
65 70 75 80

Ser Trp Gly Pro Glu Glu Arg Lys Thr His Met Pro Phe Gln Lys Gly  
85 90 95

Met Pro Phe Asp Leu Cys Phe Leu Val Gln Ser Ser Asp Phe Lys Val  
100 105 110

Met Val Asn Gly Ile Leu Phe Val Gln Tyr Phe His Arg Val Pro Phe  
115 120 125

His Arg Val Asp Thr Ile Ser Val Asn Gly Ser Val Gln Leu Ser Tyr  
130 135 140

Ile Ser Phe Gln Pro Pro Gly Val Trp Pro Ala Asn Pro Ala Pro Ile  
145 150 155 160

Thr Gln Thr Val Ile His Thr Val Gln Ser Ala Pro Gly Gln Met Phe  
165 170 175

Ser Thr Pro Ala Ile Pro Pro Met Met Tyr Pro His Pro Ala Tyr Pro  
180 185 190

Met Pro Phe Ile Thr Thr Ile Leu Gly Gly Leu Tyr Pro Ser Lys Ser  
195 200 205

Ile Leu Leu Ser Gly Thr Val Leu Pro Ser Ala Gln Arg Phe His Ile

210

215

220

Asn Leu Cys Ser Gly Asn His Ile Ala Phe His Leu Asn Pro Arg Phe

225

230

235

240

Asp Glu Asn Ala Val Val Arg Asn Thr Gln Ile Asp Asn Ser Trp Gly

245

250

255

Ser Glu Glu Arg Ser Leu Pro Arg Lys Met Pro Phe Val Arg Gly Gln

260

265

270

Ser Phe Ser Val Trp Ile Leu Cys Glu Ala His Cys Leu Lys Val Ala

275

280

285

Val Asp Gly Gln His Leu Phe Glu Tyr Tyr His Arg Leu Arg Asn Leu

290

295

300

Pro Thr Ile Asn Arg Leu Glu Val Gly Gly Asp Ile Gln Leu Thr His

305

310

315

320

Val Gln Thr

<210> 142

<211> 1616

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (72)..(1040)

<400> 142

aagtcgttcc ctctacaaag gacttcctag tgggtgtgaa aggcagcggg ggccacagag 60

gcggcggaga g atg gcc ttc agc ggt tcc cag gct ccc tac ctg agt cca 110

Met Ala Phe Ser Gly Ser Gln Ala Pro Tyr Leu Ser Pro

1

5

10

gct gtc ccc ttt tct ggg act att caa gga ggt ctc cag gac gga ctt 158

Ala Val Pro Phe Ser Gly Thr Ile Gln Gly Gly Leu Gln Asp Gly Leu

15

20

25

cag atc act gtc aat ggg acc gtt ctc agc tcc agt gga acc agg ttt 206

Gln Ile Thr Val Asn Gly Thr Val Leu Ser Ser Ser Gly Thr Arg Phe

30

35

40

45

gct gtg aac ttt cag act ggc ttc agt gga aat gac att gcc ttc cac 254

Ala Val Asn Phe Gln Thr Gly Phe Ser Gly Asn Asp Ile Ala Phe His

50

55

60

ttc aac cct cgg ttt gaa gat gga ggg tac gtg gtg tgc aac acg agg 302

Phe Asn Pro Arg Phe Glu Asp Gly Gly Tyr Val Val Cys Asn Thr Arg

65

70

75

cag aac gga agc tgg ggg ccc gag gag agg aag aca cac atg cct ttc 350

Gln Asn Gly Ser Trp Gly Pro Glu Glu Arg Lys Thr His Met Pro Phe

80

85

90

cag aag ggg atg ccc ttt gac ctc tgc ttc ctg gtg cag agc tca gat 398

Gln Lys Gly Met Pro Phe Asp Leu Cys Phe Leu Val Gln Ser Ser Asp

95

100

105

ttc aag gtg atg gtg aac ggg atc ctc ttc gtg cag tac ttc cac cgc 446

Phe Lys Val Met Val Asn Gly Ile Leu Phe Val Gln Tyr Phe His Arg

110

115

120

125

gtg ccc ttc cac cgt gtg gac acc atc tcc gtc aat ggc tct gtg cag 494

Val Pro Phe His Arg Val Asp Thr Ile Ser Val Asn Gly Ser Val Gln

130

135

140

ctg tcc tac atc agc ttc cag cct ccc ggc gtg tgg cct gcc aac ccg 542

Leu Ser Tyr Ile Ser Phe Gln Pro Pro Gly Val Trp Pro Ala Asn Pro

145

150

155

gct ccc att acc cag aca gtc atc cac aca gtg cag agc gcc cct gga 590

Ala Pro Ile Thr Gln Thr Val Ile His Thr Val Gln Ser Ala Pro Gly

160

165

170

cag atg ttc tct act ccc gcc atc cca cct atg atg tac ccc cac ccc 638

Gln Met Phe Ser Thr Pro Ala Ile Pro Pro Met Met Tyr Pro His Pro

175

180

185

gcc tat ccg atg cct ttc atc acc acc att ctg gga ggg ctg tac cca 686

Ala Tyr Pro Met Pro Phe Ile Thr Thr Ile Leu Gly Gly Leu Tyr Pro

190

195

200

205



tcc aag tcc atc ctc ctg tca ggc act gtc ctg ccc agt gct cag agg 734

Ser Lys Ser Ile Leu Leu Ser Gly Thr Val Leu Pro Ser Ala Gln Arg

210

215

220

ttc cac atc aac ctg tgc tct ggg aac cac atc gcc ttc cac ctg aac 782

Phe His Ile Asn Leu Cys Ser Gly Asn His Ile Ala Phe His Leu Asn

225

230

235

ccc cgt ttt gat gag aat gct gtg gtc cgc aac acc cag atc gac aac 830

Pro Arg Phe Asp Glu Asn Ala Val Val Arg Asn Thr Gln Ile Asp Asn

240

245

250

tcc tgg ggg tct gag gag cga agt ctg ccc cga aaa atg ccc ttc gtc 878

Ser Trp Gly Ser Glu Glu Arg Ser Leu Pro Arg Lys Met Pro Phe Val

255

260

265

cgt ggc cag agc ttc tca gtg tgg atc ttg tgt gaa gct cac tgc ctc 926

Arg Gly Gln Ser Phe Ser Val Trp Ile Leu Cys Glu Ala His Cys Leu

270

275

280

285

aag gtg gcc gtg gat ggt cag cac ctg ttt gaa tac tac cat cgc ctg 974

Lys Val Ala Val Asp Gly Gln His Leu Phe Glu Tyr Tyr His Arg Leu

290

295

300

agg aac ctg ccc acc atc aac aga ctg gaa gtg ggg ggc gac atc cag 1022

Arg Asn Leu Pro Thr Ile Asn Arg Leu Glu Val Gly Gly Asp Ile Gln

305

310

315

ctg acc cat gtg cag aca taggcggctt cctggccctg gggccggggg 1070  
Leu Thr His Val Gln Thr

320

ctgggggtgtg gggcagtcgt ggtcctctca tcatccccac ttcccaggcc cagcctttcc 1130

aaccctgcct gggatctggg cttaaatgca gaggccatgt ccttgtctgg tcctgcttct 1190

ggctacagcc accctggaac ggagaaggca gctgacgggg attgccttcc tcagccgcag 1250

cagcacctgg ggctccagct gctggaatcc taccatccca ggaggcaggc acagccaggg 1310

agaggggagg agtgggcagt gaagatgaag ccccatgctc agtcccctcc cateccccac 1370

gcagctccac ccagtcacca agccaccagc tgtctgctcc tgggtgggagg tggcctctc 1430

agcccctcct ctctgacctt taacctcact ctcaccttgc accgtgcacc aacccttcac 1490

ccctcctgga aagcaggcct gatggcttcc cactggcctc caccacctga ccagagtgtt 1550

ctcttcagag gactggctcc tttcccagtg tccttaaaat aaagaaatga aaatgcttgt 1610

tggcac 1616

<210> 143

<211> 136

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 143

Met Ala Gly Ala Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile

1

5

10

15

Val Gly Gly Ile Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly

20

25

30

Gly Leu Ile Ala Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val

35

40

45

Lys Cys Val Asp Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val

50

55

60

Pro Trp Gly Pro Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala

65

70

75

80

Ile Pro Arg Glu Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile

85

90

95

Pro Leu Pro His Met Ala Leu Ser Cys Gly Phe Leu Asp Gln Arg His

100

105

110

Gly His Leu Ser Val Cys Leu Leu Thr Val Ala Phe Gly Gly Arg Phe

115

120

125

Leu Gln Pro Leu Met His Cys Val

130

135

<210> 144

<211> 1252

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (225)..(632)

<400> 144

acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60

ggcgccttcc gtcccggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120

cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180

aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaa atg gct ggg gca 236

Met Ala Gly Ala

1

att ata gaa aac atg agc acc aag aag ctg tgc att gtt ggt ggg att 284

Ile Ile Glu Asn Met Ser Thr Lys Lys Leu Cys Ile Val Gly Gly Ile

5

10

15

20

ctg ctc gtg ttc caa atc atc gcc ttt ctg gtg gga ggc ttg att gct 332

Leu Leu Val Phe Gln Ile Ile Ala Phe Leu Val Gly Gly Leu Ile Ala

25

30

35

cca ggg ccc aca acg gca gtg tcc tac atg tcg gtg aaa tgt gtg gat 380  
Pro Gly Pro Thr Thr Ala Val Ser Tyr Met Ser Val Lys Cys Val Asp

40

45

50

gcc cgt aag aac cat cac aag aca aaa tgg ttc gtg cct tgg gga ccc 428  
Ala Arg Lys Asn His His Lys Thr Lys Trp Phe Val Pro Trp Gly Pro

55

60

65

aat cat tgt gac aag atc cga gac att gaa gag gca att cca agg gaa 476  
Asn His Cys Asp Lys Ile Arg Asp Ile Glu Glu Ala Ile Pro Arg Glu

70

75

80

att gaa gcc aat gac atc gtg ttt tct gtt cac att ccc ctc ccc cac 524  
Ile Glu Ala Asn Asp Ile Val Phe Ser Val His Ile Pro Leu Pro His

85

90

95

100

atg gct ctt agc tgt ggt ttc ttg gac cag cgg cat gga cat ttg tca 572  
Met Ala Leu Ser Cys Gly Phe Leu Asp Gln Arg His Gly His Leu Ser

105

110

115

gtt tgc ctt ctg acg gta gct ttt gga gga aga ttc ctg cag cca cta 620  
Val Cys Leu Leu Thr Val Ala Phe Gly Gly Arg Phe Leu Gln Pro Leu

120

125

130

atg cat tgt gta tgataacaaa aactctggta tgacacattt tctgtgatca 672  
Met His Cys Val

135

ttgttaatta gtgacatagt aacatctgta gcagctgggtt agtaaaccctc atgtgggggt 732

ggggtggggg tgtattcctt gggggatggt ttgggccgaa tggggagtgg aatatttgac 792  
 atttttcctg ttttaaattc taggatagat tttaacatcc ttgcggtcc cagtccaagg 852  
 taggctgggtg tcatagtctt ctcactccta atccatgacc actgtttttt tcctatttat 912  
 atcaccaggt agcctactga gttaatattt aagttgtcaa tagataagtg tccctgtttt 972  
 gtggcataat ataactgaat ttcatgagaa gatttattcc accaggggta tttcagcttt 1032  
 gaaaccaa at ctgtgtatct aatactaacc aatctgttgg atgtgggttt taaaaaatgt 1092  
 ttgctaaact acccaagtaa gatttactgt attaaatggc cttcgggtct gaaaagcttt 1152  
 tttaacctct tgcttaaaat gcgttttatt ttgataagat acttcaaata gcctccaaaa 1212  
 gtgtagatcc aatcacttaa ataaacctgt atgtatatgc 1252

<210> 145

<211> 468

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 145

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser Cys Leu Gly Asp

1

5

10

15

Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg Gln Phe Gln Phe  
20 25 30

Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe Lys Leu Asn Asn Gln  
35 40 45

Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg  
50 55 60

Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro  
65 70 75 80

Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu  
85 90 95

Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser  
100 105 110

Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu  
115 120 125

Lys Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu  
130 135 140

Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met  
145 150 155 160

Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp  
165 170 175

Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val

180

185

190

Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu

195

200

205

Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp

210

215

220

Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile

225

230

235

240

Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala

245

250

255

Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu

260

265

270

Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe

275

280

285

Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe

290

295

300

Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys

305

310

315

320

Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser



325

330

335

Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile

340

345

350

Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met

355

360

365

Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys

370

375

380

Trp Gly Gly Val Thr Val Gln Val Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile

385

390

395

400

Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala

405

410

415

Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu

420

425

430

Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr

435

440

445

Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala

450

455

460

Ala Ser Gly Ile

465

<210> 146  
 <211> 1943  
 <212> DNA  
 <213> Homo sapiens

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (379)..(1782)

<400> 146  
 acaatcacag ctccgggcat tgggggaacc cgagccggct gcgccggggg aatccgtgcg 60  
 ggcgcccttc gtcccggtcc catcctcgcc gcgctccagc acctctgaag ttttgcagcg 120  
 cccagaaagg aggcgaggaa ggagggagtg tgtgagagga gggagcaaaa agctcaccct 180  
 aaaacattta tttcaaggag aaaagaaaaa gggggggcgc aaaaatggct ggggcaatta 240  
 tagaaaacat gagcaccaag aagctgtgca ttgttggtgg gattctgctc gtgttccaaa 300  
 tcatcgctt tctggtggga ggcttgattg ctccagggcc cacaacggca gtgtcctaca 360

tgtcggtgaa atgtgtgg atg ccc gta aga acc atc aca aga caa aat ggt 411

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly

1

5

10

tcg tgc ctt ggg gac cca atc att gtg aca aga tcc gag aca ttg aag 459

Ser Cys Leu Gly Asp Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys

15

20

25

agg caa ttc caa ttc atg ctg ttt atc ctg cag ctg gac att gcc ttc 507

Arg Gln Phe Gln Phe Met Leu Phe Ile Leu Gln Leu Asp Ile Ala Phe

30

35

40

aag cta aac aac caa atc aga gaa aat gca gaa gtc tcc atg gac gtt 555

Lys Leu Asn Asn Gln Ile Arg Glu Asn Ala Glu Val Ser Met Asp Val

45

50

55

tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt gct gag tgg act gaa atg gcc 603

Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala

60

65

70

75

cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa tgc acc ttc aca tct ccc aag 651

His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys

80

85

90

act cca gag cat gag ggc cgt tac tat gaa tgt gat gtc ctt cct ttc 699

Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe

95

100

105

atg gaa att ggg tct gtg gcc cat aag ttt tac ctt tta aac atc cgg 747

Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg

110

115

120

ctg cct gtg aat gag aag aag aaa atc aat gtg gga att ggg gag ata 795

Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile

125

130

135

aag gat atc cgg ttg gtg ggg atc cac caa aat gga ggc ttc acc aag 843

Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys

140 145 150 155

gtg tgg ttt gcc atg aag acc ttc ctt acg ccc agc atc ttc atc att 891

Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile

160 165 170

atg gtg tgg tat tgg agg agg atc acc atg atg tcc cga ccc cca gtg 939

Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg Pro Pro Val

175 180 185

ctt ctg gaa aaa gtc atc ttt gcc ctt ggg att tcc atg acc ttt atc 987

Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile

190 195 200

aat atc cca gtg gaa tgg ttt tcc atc ggg ttt gac tgg acc tgg atg 1035

Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met

205 210 215

ctg ctg ttt ggt gac atc cga cag ggc atc ttc tat gcg atg ctt ctg 1083

Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu

220 225 230 235

tcc ttc tgg atc atc ttc tgt ggc gag cac atg atg gat cag cac gag 1131

Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp Gln His Glu

240 245 250

cgg aac cac atc gca ggg tat tgg aag caa gtc gga ccc att gcc gtt 1179  
Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro Ile Ala Val

255

260

265

ggc tcc ttc tgc ctc ttc ata ttt gac atg tgt gag aga ggg gta caa 1227  
Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg Gly Val Gln

270

275

280

ctc acg aat ccc ttc tac agt atc tgg act aca gac att gga aca gag 1275  
Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu

285

290

295

ctg gcc atg gcc ttc atc atc gtg gct gga atc tgc ctc tgc ctc tac 1323  
Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr

300

305

310

315

ttc ctg ttt cta tgc ttc atg gta ttt cag gtg ttt cgg aac atc agt 1371  
Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser

320

325

330

ggg aag cag tcc agc ctg cca gct atg agc aaa gtc cgg cgg cta cac 1419  
Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg Arg Leu His

335

340

345

tat gag ggg cta att ttt agg ttc aag ttc ctc atg ctt atc acc ttg 1467  
Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu

350

355

360

gcc tgc gct gcc atg act gtc atc ttc ttc atc gtt agt cag gta acg 1515

Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser Gln Val Thr

365

370

375

gaa ggc cat tgg aaa tgg ggc ggc gtc aca gtc caa gtg aac agt gcc 1563

Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Val Thr Val Gln Val Asn Ser Ala

380

385

390

395

ttt ttc aca ggc atc tat ggg atg tgg aat ctg tat gtc ttt gct ctg 1611

Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu

400

405

410

atg ttc ttg tat gca cca tcc cat aaa aac tat gga gaa gac cag tcc 1659

Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser

415

420

425

aat gga atg caa ctc cca tgt aaa tcg agg gaa gat tgt gct ttg ttt 1707

Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe

430

435

440

gtt tcg gaa ctt tat caa gaa ttg ttc agc gct tcg aaa tat tcc ttc 1755

Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe

445

450

455

atc aat gac aac gca gct tct ggt att tgagtcaaca aggcaacaca 1802

Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

460

465

tgtttatcag ctttgcat ttt gcagttgtca cagtcacatt gattgtactt gtatacgcac 1862

acaaatacac tcatttagcc tttatctcaa aatgttaaataaaggaagaaagcgtaac 1922

aataaatatt ctttgagtat t 1943

<210> 147

<211> 460

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 147

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser Cys Leu Gly Asp

1 5 10 15

Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg Gln Phe Gln Gly

20 25 30

Lys Leu Lys Pro Met Thr Ser Cys Phe Leu Phe Thr Phe Pro Ser Pro

35 40 45

Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe Ala Glu Trp Thr

50 55 60

Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys Cys Thr Phe Thr

65 70 75 80

Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr Glu Cys Asp Val

85 90 95

Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys Phe Tyr Leu Leu  
100 105 110

Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Lys Ile Asn Val Gly Ile  
115 120 125

Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His Gln Asn Gly Gly  
130 135 140

Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu Thr Pro Ser Ile  
145 150 155 160

Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr Met Met Ser Arg  
165 170 175

Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu Gly Ile Ser Met  
180 185 190

Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile Gly Phe Asp Trp  
195 200 205

Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly Ile Phe Tyr Ala  
210 215 220

Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu His Met Met Asp  
225 230 235 240

Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys Gln Val Gly Pro  
245 250 255



Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp Met Cys Glu Arg

260

265

270

Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp Thr Thr Asp Ile

275

280

285

Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala Gly Ile Cys Leu

290

295

300

Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe Gln Val Phe Arg

305

310

315

320

Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met Ser Lys Val Arg

325

330

335

Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys Phe Leu Met Leu

340

345

350

Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe Phe Ile Val Ser

355

360

365

Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Ile Thr Val Gln Val

370

375

380

Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp Asn Leu Tyr Val

385

390

395

400

Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys Asn Tyr Gly Glu

405

410

415

Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser Arg Glu Asp Cys

420

425

430

Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe Ser Ala Ser Lys

435

440

445

Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

450

455

460

<210> 148

<211> 1919

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (376)..(1755)

<400> 148

atcacagctc cgggcattgg gggaacccga gccggctgcg ccgggggaat ccgtgcgggc 60

gccttcgctc ccggtcccat cctcgccgcg ctccagcacc tctgaagttt tgcagcgccc 120

agaaaggagg cgaggaagga gggagtgtat gagaggaggg agcaaaaagc tcaccctaaa 180

acatttattt caaggagaaa agaaaaaggg ggggcgcaaa aatggctggg gcaattatag 240

aaaacatgag caccaagaag ctgtgcattg ttggtgggat tctgctcgtg ttccaaatca 300

tcgcctttct ggtgggaggc ttgattgctc cagggccac aacggcagtg tcctacatgt 360

cggtgaaatg tgtgg atg ccc gta aga acc atc aca aga caa aat ggt tcg 411

Met Pro Val Arg Thr Ile Thr Arg Gln Asn Gly Ser

1

5

10

tgc ctt ggg gac cca atc att gtg aca aga tcc gag aca ttg aag agg 459

Cys Leu Gly Asp Pro Ile Ile Val Thr Arg Ser Glu Thr Leu Lys Arg

15

20

25

caa ttc caa ggg aaa ttg aag cca atg aca tcg tgt ttt ctg ttc aca 507

Gln Phe Gln Gly Lys Leu Lys Pro Met Thr Ser Cys Phe Leu Phe Thr

30

35

40

ttc ccc tcc ccc atg gac gtt tcc ctg gct tac cgt gat gac gcg ttt 555

Phe Pro Ser Pro Met Asp Val Ser Leu Ala Tyr Arg Asp Asp Ala Phe

45

50

55

60

gct gag tgg act gaa atg gcc cat gaa aga gta cca cgg aaa ctc aaa 603

Ala Glu Trp Thr Glu Met Ala His Glu Arg Val Pro Arg Lys Leu Lys

65

70

75

tgc acc ttc aca tct ccc aag act cca gag cat gag ggc cgt tac tat 651

Cys Thr Phe Thr Ser Pro Lys Thr Pro Glu His Glu Gly Arg Tyr Tyr

80

85

90

gaa tgt gat gtc ctt cct ttc atg gaa att ggg tct gtg gcc cat aag 699  
Glu Cys Asp Val Leu Pro Phe Met Glu Ile Gly Ser Val Ala His Lys

95

100

105

ttt tac ctt tta aac atc cgg ctg cct gtg aat gag aag aag aaa atc 747  
Phe Tyr Leu Leu Asn Ile Arg Leu Pro Val Asn Glu Lys Lys Lys Ile

110

115

120

aat gtg gga att ggg gag ata aag gat atc cgg ttg gtg ggg atc cac 795  
Asn Val Gly Ile Gly Glu Ile Lys Asp Ile Arg Leu Val Gly Ile His

125

130

135

140

caa aat gga ggc ttc acc aag gtg tgg ttt gcc atg aag acc ttc ctt 843  
Gln Asn Gly Gly Phe Thr Lys Val Trp Phe Ala Met Lys Thr Phe Leu

145

150

155

acg ccc agc atc ttc atc att atg gtg tgg tat tgg agg agg atc acc 891  
Thr Pro Ser Ile Phe Ile Ile Met Val Trp Tyr Trp Arg Arg Ile Thr

160

165

170

atg atg tcc cga ccc cca gtg ctt ctg gaa aaa gtc atc ttt gcc ctt 939  
Met Met Ser Arg Pro Pro Val Leu Leu Glu Lys Val Ile Phe Ala Leu

175

180

185

ggg att tcc atg acc ttt atc aat atc cca gtg gaa tgg ttt tcc atc 987  
Gly Ile Ser Met Thr Phe Ile Asn Ile Pro Val Glu Trp Phe Ser Ile

190

195

200

ggg ttt gac tgg acc tgg atg ctg ctg ttt ggt gac atc cga cag ggc 1035

Gly Phe Asp Trp Thr Trp Met Leu Leu Phe Gly Asp Ile Arg Gln Gly  
205 210 215 220

atc ttc tat gcg atg ctt ctg tcc ttc tgg atc atc ttc tgt ggc gag 1083  
Ile Phe Tyr Ala Met Leu Leu Ser Phe Trp Ile Ile Phe Cys Gly Glu  
225 230 235

cac atg atg gat cag cac gag cgg aac cac atc gca ggg tat tgg aag 1131  
His Met Met Asp Gln His Glu Arg Asn His Ile Ala Gly Tyr Trp Lys  
240 245 250

caa gtc gga ccc att gcc gtt ggc tcc ttc tgc ctc ttc ata ttt gac 1179  
Gln Val Gly Pro Ile Ala Val Gly Ser Phe Cys Leu Phe Ile Phe Asp  
255 260 265

atg tgt gag aga ggg gta caa ctc acg aat ccc ttc tac agt atc tgg 1227  
Met Cys Glu Arg Gly Val Gln Leu Thr Asn Pro Phe Tyr Ser Ile Trp  
270 275 280

act aca gac att gga aca gag ctg gcc atg gcc ttc atc atc gtg gct 1275  
Thr Thr Asp Ile Gly Thr Glu Leu Ala Met Ala Phe Ile Ile Val Ala  
285 290 295 300

gga atc tgc ctc tgc ctc tac ttc ctg ttt cta tgc ttc atg gta ttt 1323  
Gly Ile Cys Leu Cys Leu Tyr Phe Leu Phe Leu Cys Phe Met Val Phe  
305 310 315

cag gtg ttt cgg aac atc agt ggg aag cag tcc agc ctg cca gct atg 1371  
Gln Val Phe Arg Asn Ile Ser Gly Lys Gln Ser Ser Leu Pro Ala Met

320

325

330

agc aaa gtc cgg cgg cta cac tat gag ggg cta att ttt agg ttc aag 1419

Ser Lys Val Arg Arg Leu His Tyr Glu Gly Leu Ile Phe Arg Phe Lys

335

340

345

ttc ctc atg ctt atc acc ttg gcc tgc gct gcc atg act gtc atc ttc 1467

Phe Leu Met Leu Ile Thr Leu Ala Cys Ala Ala Met Thr Val Ile Phe

350

355

360

ttc atc gtt agt cag gta acg gaa ggc cat tgg aaa tgg ggc ggc atc 1515

Phe Ile Val Ser Gln Val Thr Glu Gly His Trp Lys Trp Gly Gly Ile

365

370

375

380

aca gtc caa gtg aac agt gcc ttt ttc aca ggc atc tat ggg atg tgg 1563

Thr Val Gln Val Asn Ser Ala Phe Phe Thr Gly Ile Tyr Gly Met Trp

385

390

395

aat ctg tat gtc ttt gct ctg atg ttc ttg tat gca cca tcc cat aaa 1611

Asn Leu Tyr Val Phe Ala Leu Met Phe Leu Tyr Ala Pro Ser His Lys

400

405

410

aac tat gga gaa gac cag tcc aat gga atg caa ctc cca tgt aaa tcg 1659

Asn Tyr Gly Glu Asp Gln Ser Asn Gly Met Gln Leu Pro Cys Lys Ser

415

420

425

agg gaa gat tgt gct ttg ttt gtt tcg gaa ctt tat caa gaa ttg ttc 1707

Arg Glu Asp Cys Ala Leu Phe Val Ser Glu Leu Tyr Gln Glu Leu Phe

430

435

440

agc gct tcg aaa tat tcc ttc atc aat gac aac gca gct tct ggt att 1755

Ser Ala Ser Lys Tyr Ser Phe Ile Asn Asp Asn Ala Ala Ser Gly Ile

445 450 455 460

tgagtcaaca aggcaacaca tgtttatcag ctttgcattt gcagttgtca cagtcacatt 1815

gattgtactt gtatacgcac acaaatacac tcatitagcc tttatctcaa aatgttaaatt 1875

ataaggaaaa aagcgtcaac aataaatatt ctttgagtat tgtc 1919

<210> 149

<211> 183

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 149

Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val Pro

1 5 10 15

Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys Ile

20 25 30

Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn Val

35 40 45

Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val

50 55 60

Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg Tyr  
65 70 75 80

Glu Glu Arg Ser Thr Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr Leu  
85 90 95

Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu Val  
100 105 110

Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His Asn  
115 120 125

Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ala Ser  
130 135 140

Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly Ala  
145 150 155 160

Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val Phe  
165 170 175

Asp Arg His Lys Met Leu Ser  
180

<210> 150

<211> 1562

<212> DNA



<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (120)..(668)

<400> 150

tacggctgcg agaagacgac agaaggggat taagaggag ggcggggaca actgggtcctt 60

ttgcggctgc agcgggcttg taggtgtccg gctttgctgg cccagcaagc ctgataagc 119

atg aag ctc tta tct ttg gtg gct gtg gtc ggg tgt ttg ctg gtg ccc 167

Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val Pro

1 5 10 15

cca gct gaa gcc aac aag agt tct gaa gat atc cgg tgc aaa tgc atc 215

Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys Ile

20 25 30

tgt cca cct tat aga aac atc agt ggg cac att tac aac cag aat gta 263

Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn Val

35 40 45

tcc cag aag gac tgc aac tgc ctg cac gtg gtg gag ccc atg cca gtg 311

Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val

50 55 60

cct ggc cat gac gtg gag gcc tac tgc ctg ctg tgc gag tgc agg tac 359

Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg Tyr

|   |     |     |     |     |
|---|-----|-----|-----|-----|
| 65  | 70  | 75  | 80  |     |
| gag gag cgc agc acc acc acc atc aag gtc atc att gtc atc tac ctg |     |     |     | 407 |
| Glu Glu Arg Ser Thr Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr Leu |     |     |     |     |
|   | 85  | 90  | 95  |     |
| tcc gtg gtg ggt gcc ctg ttg ctc tac atg gcc ttc ctg atg ctg gtg |     |     |     | 455 |
| Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu Val |     |     |     |     |
|   | 100 | 105 | 110 |     |
| gac cct ctg atc cga aag ccg gat gca tat act gag caa ctg cac aat |     |     |     | 503 |
| Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His Asn |     |     |     |     |
|   | 115 | 120 | 125 |     |
| gag gag gag aat gag gat gct cgc tct atg gca gca gct gct gca tcc |     |     |     | 551 |
| Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ala Ser |     |     |     |     |
|   | 130 | 135 | 140 |     |
| ctc ggg gga ccc cga gca aac aca gtc ctg gag cgt gtg gaa ggt gcc |     |     |     | 599 |
| Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly Ala |     |     |     |     |
| 145   | 150 | 155 | 160 |     |
| cag cag cgg tgg aag ctg cag gtg cag gag cag cgg aag aca gtc ttc |     |     |     | 647 |
| Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val Phe |     |     |     |     |
|   | 165 | 170 | 175 |     |
| gat cgg cac aag atg ctc agc tagatgggct ggtgtggttg ggtcaaggcc    |     |     |     | 698 |
| Asp Arg His Lys Met Leu Ser                                     |     |     |     |     |
|   | 180 |     |     |     |

ccaacaccat ggctgccagc ttccaggctg gacaaagcag ggggctactt ctcccttccc 758

tcggttccag tcttcccttt aaaagcctgt ggcatttttc ctccttctcc ctaactttag 818

aaatgttgta cttggctatt ttgattaggg aagagggatg tggctctga tctccgttgt 878

cttcttgggt ctttgggggt gaaggagg ggaaggcagg ccagaaggga atggagacat 938

tcgaggcggc ctcaggagtg gatgcgatct gtctctcctg gctccactct tgccgccttc 998

cagctctgag tcttgggaat gttgttacc ttggaagata aagctgggtc ttcaggaact 1058

cagtgtctgg gaggaaagca tggcccagca ttcagcatgt gttcctttct gcagtgggtc 1118

tttatcacca cctccctccc agccccagcg cctcagcccc agccccagct ccagccctga 1178

ggacagctct gatgggagag ctgggcccc tgagcccact ggtcttcag ggtgcactgg 1238

aagctggtgt tcgctgtccc ctgtgcactt ctcgcactgg ggcattggagt gcccatgcat 1298

actctgtgc cggccccctc acctgcactt gaggggtctg ggcagtccct cctctcccca 1358

gtgtccacag tctctgagcc agacggctcg ttggaacatg agactcgagg ctgagcgtgg 1418

atctgaacac cacagcccct gtacttgggt tgcctcttgt ccttgaactt cgttgtacca 1478

gtgcatggag agaaaatttt gtcctcttgt cttagagttg tgtgtaaatc aaggaagcca 1538

tcattaaatt gttttatttc tctc

1562

<210> 151

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 151

cttctgctct aaaagctgcg

20

<210> 152

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:Primer

<400> 152

cgacctgcag ctcgagcaca

20

【 0 1 3 2 】

【配列表フリーテキスト】

配列番号 1 5 1 及び 1 5 2 : プライマー

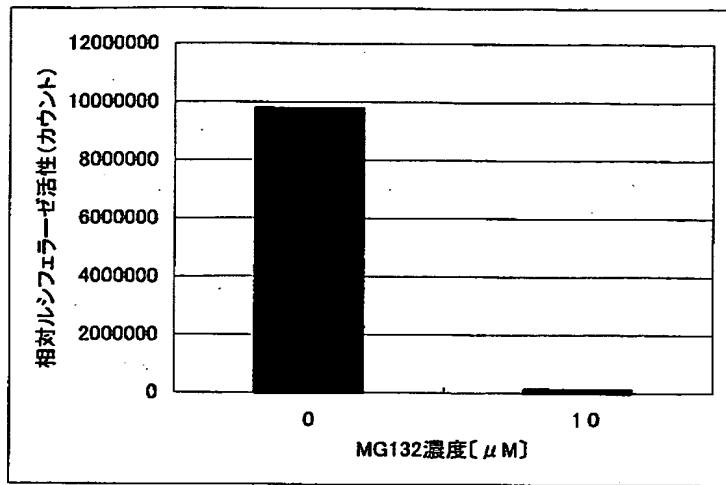
【図面の簡単な説明】

【図 1】

図 1 は、実施例 3 のプロテアソーム阻害剤 MG 1 3 2 による NF- $\kappa$ B のレポーター活性抑制を示す図である。図中で横軸は、MG 1 3 2 濃度、縦軸は、相対ルシフェラーゼ活性を示す。

【書類名】 図面

【図 1】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 NF- $\kappa$ B の過剰な活性化または阻害が関与する疾患の診断、治療または予防等に使用される NF- $\kappa$ B 作用を有するタンパク質の提供。

【解決手段】 ヒト肺線維芽細胞から作製した cDNA ライブラリーから、プラスミド pNF $\kappa$ B-Luc を用いて、NF- $\kappa$ B を活性化する作用を有するタンパク質をコードする cDNA をクローニングして、その DNA 配列およびそれより推定されるアミノ酸配列を決定した。同タンパク質、これをコードする DNA、同 DNA を含有する組換えベクターおよび同組換えベクターを含有する形質転換体は、NF- $\kappa$ B の活性化を阻害または作動する物質のスクリーニングに使用される。

【選択図】 なし

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000000033]

1. 変更年月日 2001年 1月 4日

[変更理由] 名称変更

住 所 大阪府大阪市北区堂島浜1丁目2番6号

氏 名 旭化成株式会社